OM nucleic - nucleic search, using sw model

```
          GenCore version 4.5
          Copyright (c) 1993 - 2000 Compugen Ltd.
```

Run on: July 6, 2001, 08:29:41 ; Search time 13876.8 Seconds
                                           (without alignments)
                                           12066.075 Million cell updates/sec

Title: US-09-497-957-3
Perfect score: 10825
Sequence: 1 TCTAAGGTTGAGATAAAATT........TCCCCAAATTTTTCATAAAC 10825

Scoring table: IDENTITY_NUC
                Gapop 10.0 , Gapext 1.0

Searched: 1344157 seqs, 773387458B residues

Total number of hits satisfying chosen parameters: 2688314

Minimum DB seq length: 0
Maximum DB seq length: 2000000000

Post-processing: Minimum Match 0%
                 Maximum Match 100%
                 Listing first 45 summaries

Database :   GenEmbl:*
     1: gb_ba1:*
     2: gb_ba2:*
     3: gb_ba3:*
     4: gb_in1:*
     5: gb_in2:*
     6: gb_in3:*
     7: gb_om:*
     8: gb_ov:*
     9: gb_pat1:*
    10: gb_pat2:*
    11: gb_ph:*
    12: gb_pl1:*
    13: gb_pl2:*
    14: gb_pl3:*
    15: gb_pl4:*
    16: em_ba1:*
    17: em_ba2:*
    18: em_fun:*
    19: em_htgo_hum:*
    20: em_htgo_inv:*
    21: em_htgo_rod:*
    22: em_htg_hum1:*
    23: em_htg_hum2:*
    24: em_htg_hum3:*
    25: em_htg_hum4:*
    26: em_htg_hum5:*
    27: em_htg_hum6:*
    28: em_htg_hum7:*
    29: em_htg_hum8:*
    30: em_htg_inv1:*
    31: em_htg_inv2:*
    32: em_htg_other:*
    33: em_htg_rod:*
    34: em_hum1:*
    35: em_hum2:*
    36: em_hum3:*
    37: em_hum4:*
    38: em_hum5:*
    39: em_hum6:*
    40: em_hum7:*
    41: em_in:*
    42: em_om:*
    43: em_or:*
    44: em_ov:*
    45: em_pat:*
    46: em_ph:*
    47: em_pl:*
    48: em_ro:*
    49: em_sts:*
    50: em_sy:*
    51: em_un:*
    52: em_vi:*
    53: gb_sts1:*
    54: gb_sts2:*
    55: gb_sts3:*
    56: gb_sy:*
    57: gb_un:*
    58: gb_vi1:*
    59: gb_vi2:*
    60: gb_htg1:*
    61: gb_htg2:*
    62: gb_htg3:*
    63: gb_htg4:*
    64: gb_htg5:*
    65: gb_htg6:*
    66: gb_htg7:*
    67: gb_htg8:*
    68: gb_htg9:*
    69: gb_htg10:*
    70: gb_htg11:*
    71: gb_htg12:*
    72: gb_htg13:*
    73: gb_htg14:*
    74: gb_htg15:*
    75: gb_htg16:*
    76: gb_htg17:*
    77: gb_htg18:*
    78: gb_htg19:*
    79: gb_htg20:*
    80: gb_htg21:*
    81: gb_htg22:*
    82: gb_htg23:*
    83: gb_htg24:*
    84: gb_htg25:*
    85: gb_pr1:*
    86: gb_pr2:*
    87: gb_pr3:*
    88: gb_pr4:*
    89: gb_pr5:*
    90: gb_pr6:*
    91: gb_pr7:*
    92: gb_pr8:*
    93: gb_pr9:*
    94: gb_ro1:*
    95: gb_ro2:*
    96: gb_in4:*
    97: gb_pr10:*
    98: em_ba3:*
```

Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a
score greater than or equal to the score of the result being printed,
and is derived by analysis of the total score distribution.

## SUMMARIES

| Result No. | Score | % Query Match | Length | DB | ID | Description |
|---|---|---|---|---|---|---|
| 1 | 10823.4 | 100.0 | 246240 | 9 | AR036572 | AR036572 Sequence |
| 2 | 10823.4 | 100.0 | 246240 | 9 | AR036573 | AR036573 Sequence |
| 3 | 10823.4 | 100.0 | 246240 | 9 | AR036574 | AR036574 Sequence |
| 4 | 10760.2 | 99.4 | 12146 | 93 | HSHFE | Z92910 Homo sapien |
| 5 | 10659 | 98.5 | 193752 | 80 | AL359892 | AL359892 Homo sapi |
| c 6 | 7542.4 | 69.7 | 246282 | 97 | HSU91328 | U91328 Human hered |
| c 7 | 4251 | 39.3 | 101099 | 90 | AL353759 | AL353759 Human DNA |
| 8 | 1421 | 13.1 | 1479 | 93 | HSHLAA6 | Y09799 H.saplens H |

```
 9  1407.4  13.0   4349    7  AF301592    7  AF301592 Diceros b
10  1051.6   9.7   2727   97  U60319     89  U60319 Homo sapien
11  1030.2   9.5   1885   89  AF144242   89  AF144242 Homo sapi
12   832.2   7.7    874   93  Y09800     93  Y09800 H.sapiens H
13   768.8   7.1    772   89  AF184234   89  AF184234 Homo sapi
14   740.2   6.8   3334    7  AF301591    7  AF301591 Ceratothe
15   677.8   6.3    794   89  AF144238   89  AF144238 Homo sapi
16   657     6.1    761   93  Y09801     93  Y09801 H.sapiens H
17   637.8   5.9    653   93  Y09803     93  Y09803 H.sapiens H
18   547     5.1    547   89  AF147392   89  AF147392 Homo sapi
19   546.2   5.0    551   89  AF331065   89  AF331065 Homo sapi
20   517     4.8    551   10  I82158     10  I82158 Sequence 4
21   516     4.8    517   10  I82167     10  I82167 Sequence 13
22   515.4   4.8    517   10  I82157     10  I82157 Sequence 3
23   511.6   4.7    526   93  Y09802     93  Y09802 H.sapiens H
24   429.6   4.0    987   89  AF150664   89  AF150664 Homo sapi
 c 25   398.2   3.7 128915  78  AL136458   78  AL136458 Homo sapi
 c 26   394.2   3.6 182866  79  AL162739   79  AL162739 Homo sapi
   27   393.8   3.6 103259  62  AC012430   62  AC012430 Homo sapi
 c 28   389     3.6 190112  83  AP002354   83  AP002354 Homo sapi
 c 29   388.6   3.6 203361  78  AL139338   78  AL139338 Homo sapi
 c 30   386.4   3.6  97065  82  AP000768   82  AP000768 Homo sapi
   31   386.2   3.6 203986  77  AC087501   77  AC087501 Homo sapi
   32   383.2   3.5 178483  77  AC087238   77  AC087238 Homo sapi
 c 33   382.6   3.5 230917  67  AC022884   67  AC022884 Homo sapi
 c 34   381.4   3.5 191654  72  AC023176   72  AC023176 Homo sapi
   35   381.4   3.5 197022  72  AC055829   72  AC055829 Homo sapi
   36   381     3.5  41303  90  AL353602   90  AL353602 Human DNA
 c 37   381     3.5 169947  67  AC022279   67  AC022279 Homo sapi
   38   380.8   3.5 183334  87  AC020558   87  AC020558 Homo sapi
   39   380.6   3.5 171811  77  AC084801   77  AC084801 Homo sapi
 c 40   379.2   3.5 172376  79  AL353749   79  AL353749 Homo sapi
   41   378.8   3.5 160169  72  AC051664   72  AC051664 Homo sapi
   42   377.6   3.5    678  89  AF144245   89  AF144245 Homo sapi
   43   377.2   3.5 105787  87  AC010458   87  AC010458 Homo sapi
   44   376.2   3.5 154471  67  AC022523   67  AC022523 Homo sapi
   45   376     3.5 173071  87  AC009477   87  AC009477 Homo sapi
```

```
RESULT 1
AR036572
LOCUS       AR036572      246240 bp    DNA             PAT  29-SEP-1999
DEFINITION  Sequence 20 from patent US 5872237.
ACCESSION   AR036572
VERSION     AR036572.1  GI:5953240
KEYWORDS
SOURCE      Unknown.
  ORGANISM  Unknown.
            Unclassified.
REFERENCE   1  (bases 1 to 246240)
  AUTHORS   Feder,J.Nathan, Kronmal,G.Scott, Lauer,P.M., Ruddy,D.A., Thomas,W.,
            Tsuchihashi,Z. and Wolff,R.K.
  TITLE     Megabase transcript map: novel sequences and antibodies thereto
  JOURNAL   Patent: US 5872237-A 20 16-FEB-1999;
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..246240
                     /organism="unknown"
BASE COUNT    73211 a   50177 c   50599 g   72252 t     1 others
ORIGIN
```

ALIGNMENTS

```
Query Match             100.0%;  Score 10823.4;  DB 9;  Length 246240;
Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
Matches 10824;  Conservative 0;  Mismatches 0;  Indels 1;  Gaps 0;

Qy         1 TCTAAGGTTGAGATAAATTTTAAATGTATGATGATTTGAATTTTGAAAATCATAAATATTA 60
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    193304 TCTAAGGTTGAGATAAATTTTAAATGTATGATGATTTGAATTTTGAAAATCATAAATATTA 193363

Qy        61 AATATCTAAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTTCCCCAATCAACAACACCCCT 120
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    192364 AATATCTAAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTTCCCCAATCAACAACACCCCT 192423

Qy       121 TCAGGATTTAAAAACCAAGGGGACACTGGATCACCTAGTGTTTCACAAGCAGGTACCTT 180
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    192424 TCAGGATTTAAAAACCAAGGGGACACTGGATCACCTAGTGTTTCACAAGCAGGTACCTT 192483

Qy       181 CTGCTGTGTAGGAGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTTGCTTTCACCAGGAAGTT 240
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    192484 CTGCTGTGTAGGAGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTTGCTTTCACCAGGAAGTT 192543

Qy       241 TTACTGGGCATCTCCTGAGCCTAGCAATAGCTGTAGGGTGACTTCTGAGCCATCCCG 300
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    192544 TTACTGGGCATCTCCTGAGCCTAGCAATAGCTGTAGGGTGACTTCTGAGCCATCCCG 192603

Qy       301 TTTCCCCGCCCCCAAAAGAAGCGGAGATTTAACGGGACAGTGCGGCCAGACGTGGGAA 360
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    192604 TTTCCCCGCCCCCCAAAAGAAGCGGAGATTTAACGGGACAGTGCGGCCAGACGTGGGAA 192663

Qy       361 ATGGGCCCGAGCCAGGCCGCGCCTTCTCCTCCTGATGCTTTTGCGACCGCGGTCCTG 420
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    192664 ATGGGCCCGAGCCAGGCCGCGCCTTCTCCTCCTGATGCTTTTGCGACCGCGGTCCTG 192723

Qy       421 CAGGGGCGCTTGCTGCGTGAGTCCGAGGGCGTCGCGGCGAACTAGGGGCGCCGGCGGGGTG 480
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    192724 CAGGGGCGCTTGCTGCGTGAGTCCGAGGGCGTCGCGGCGAACTAGGGGCGCCGGCGGGGTG 192783

Qy       481 GAAAATCGAAACTAGCTTTTTCTTGCGCTTGGAGTTTGCTAACTTTGGAGGACCTGC 540
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    192784 GAAAAATCGAAACTAGCTTTTTCTTGCGCTTGGAGTTTGCTAACTTTGGAGGACCTCC 192843

Qy       541 TCAACCCTATCCGCAAGCCCCTCCCTACTTTCTGCGTCCAGACCCCGTGAGGGAGTGC 600
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    192844 TCAACCCTATCCGCAAGCCCCTCCCTACTTTCTGCGTCCAGACCCCGTGAGGGAGTGC 192903

Qy       601 CTACCACTGAACTGCAGATAGGGGTCCCTCGCCCCCAGGACCTGCCCCCGGCTGT 660
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    192904 CTACCACTGAACTGCAGATAGGGGTCCCTCGCCCCCAGGACCTGCCCCCGGCTGT 192963

Qy       661 CCCGGCTGCTGCGGAGTGGACTTTGGAACCGCCCACTCCCTTCCCCAACTAGAATGCTTT 720
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    192964 CCCGGCTGCTGCGGAGTGGACTTTGGAACCGCCCACTCCCTTCCCCAACTAGAATGCTTT 193023

Qy       721 TAAATAAATCTGTAGTTCGTAGTTCCTCACTTGAGCTGAGCTAAGCCTCGGGGCTCCTTGAACCTGG 780
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    193024 TAAATAAATCTGTAGTTCGTAGTTCCTCACTTGAGCTGAGCTAAGCCTCGGGGCTCCTTGAACCTGG 193083

Qy       781 AACTCGGTTTATTTCCAATGTCAGCTGTCAGTTTTTCCCAGTCATCTCCAAACAGG 840
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    193084 AACTCGGTTTATTTCCAATGTCAGCTGTCAGTTTTTCCCAGTCATCTCCAAACAGG 193143

Qy       841 AAGTTCTTCCCTGAGTGCTTGCCGAGAAGGCTGAGCAAACCACAGCAGGATCCGCACGG 900
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    193144 AAGTTCTTCCCTGAGTGCTTGCCGAGAAGGCTGAGCAAACCACAGCAGGATCCGCACGG 193203

Qy       901 GGTTTCCACCTCAGAACGAATGCGTTGGGCGGTGGCGGTTGGGGA 960
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    193204 GGTTTCCACCTCAGAACGAATGCGTTGGGCGGTGGCGGTTGGGGA 193263

Qy       961 TCTGAATTCTTCACCATTCCACCCACTTTGGTGAGACCTGGGGTGGGAGGTCTCTAGGGT 1020
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    193264 TCTGAATTCTTCACCATTCCACCCACTTTGGTGAGACCTGGGGTGGGAGGTCTCTAGGGT 193323

Qy      1021 GGGAGGCTCTGAGAGAGGAGGCTACCTCGGGGCCTTTCCCACTCTTGGCAATTGTTCTTT 1080
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    193324 GGGAGGCTCTGAGAGAGGAGGCTACCTCGGGGCCTTTCCCACTCTTGGCAATTGTTCTTT 193383

Qy      1081 GCCTGCGAAAATTAAGTATATGTTGAACTGGAACAATTCTCTTTTCCG 1140
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    193384 GCCTGCGAAAATTAAGTATATGTTGAACTGGAACAATTCTCTTTTCCG 193443

Qy      1141 CTAGGCTTTATTGATTTGCAATGTGCTGTGTAATTAAGAGGCCTCTCACAAAGTACTGA 1200
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db 193444 CTAGGCTTTATTGATTGCAATGTCGTGTGTAATTAAGAGGCCTCTCTACAAAGTACTCGA 193503
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy   1201 TAATGAACATGTAAGCAATGCACTCACTTCACTTCTTCAAGTTCAATTCATATCTGATCTTATTTGA 1260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193504 TAATGAACAACATGCAGCCTAGGAGCGTAGGAGCCTAATAATACGTTTATTTTACTAGAAGTTAACT 193563

Db 193564 TTTCACTCAGTCGTCTGGGTAGGAGCTAATAATACGTTTATTTTACTAGAAGTTAACT 193623
Qy   1261 TTTCACTCAGTCATGGGTAGGAGCTAATAATACGTTTATTTTACTAGAAGTTAACT 1320
Db 193624 GGAATTCAGATTATATAACTCTTTCAGGTTACAAAGAACATAAATAATCTGTTTTCTG 193683

Db 193684 ATGTTATTTCAAGTACTACACGCTGCTTCTAATCTGTTCTAGTTGACAGTGATTTGCCCCTGTAG 193743
Qy   1321 GGAATTCAGATTATATAACTCTTTCAGGTTACAAAGAACATAAATAATCTGTTTTCTG 1380
Db 193744 TGTAGCCACAGTGTTCTGTGGGTCACACGCCGGCCCTCAGCACAGCCACTTTGAGTTTTGGTA 193803

Db 193804 CTACGTGTGTATCCACATTTACACAGAATGACACAGAATGAGGCACGCGACCGCCTTCCTGG 193863
Qy   1381 ATGTTATTTCAAGTACTACACGCTGCTTCTAATCTGTTCTAGTTGACAGTGATTTGCCCCTGTAG 1440
Db 193864 CAAATTTATTCAATGGTACACTGGGCGTTTGGTGGCAGAGCTCATGTCTCCACTTCATAGC 193923

Db 193924 TATGATTCTAAACATCACACTGCATTAGAGTTGAATAATAAAATTTCATGTTGAGCAG 193983
Qy   1441 TGTAGCCACAGTGTTCTGTGGGTCACACGCCGGCCCTCAGCACAGCCACTTTGAGTTTTGGTA 1500
Db 193984 AAATATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGTCCCAGCCATTGTGTTGCACTGTTCAAGCCC 194043

Db 194044 CAAGGGAGAGCAGGAGGGAAACAAGTCTTTACCCTTTGCATTCTAGTGGGAGA 194103
Qy   1501 CTACGTGTGTATCCACATTTACACAGAATGACACAGAATGAGGCACGCGACCGCCTTCCTGG 1560
Db 194104 GATGACAATAAGCAAATGAGCAGAAGATATACACACATCAGGAAATCATGGGTGTTGTTGA 194163

Db 194164 GAAGCAGAGAGTCAGGGCAAGTCACTCTGGGGCTGCACACTGAGCAGACATGAGAGGA 194223
Qy   1561 CAAATTTATTCAATGGTACACTGGGCGTTTGGTGGCAGAGCTCATGTCTCCACTTCATAGC 1620
Db 194224 AATAAGAATGATATTGACTGGGTTTTCTCAGCCACTACTCCTGGTTAAGCAACAAACTCCT 194283

Db 194284 TTGGATTAAAAAGCGGGTTTTCTCAGCCACTACTCCTGGTTAAGCAACAAACTCCT 194343
Qy   1621 TATGATTCTAAACATCACACTGCATTAGAGTTGAATAATAAAATTTCATGTTGAGCAG 1680
Db 194344 CGGCCTGGGGTGGGAAGGGGACTACCATCTGCATGTAGGATGTCTAGCAGTATCCTGT 194403

Db 194404 CCTCCCTACTCACTAGGTGCTAGGAGCACTCCCCAGTCTTGACAACCAAAAATGTCTCT 194463
Qy   1681 AAATATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGTCCCAGCCATTGTGTTGCACTGTTCAAGCCC 1740
Db 194464 AAACTTTGCCACATGTCACCTAGTAGACAAACTCCTGGTTAAGAGCTCGGGTTGAAAAA 194523

Db 194524 AATAAACAAGTAGTGCTTGGGAGTAGGAGTAGGTAATGCACCTCAGAAGAGGA 194583
Qy   1741 CAAGGGAGAGCAGGAGGGAAACAAGTCTTTACCCTTTGCATTCTAGTGGGAGA 1800
```

```
Qy   2281 GCCACAAACAAGGTTGTGCAGGCGCCTGTGGTGTGTGGTGTGTGAATTCTAGCCAAGGAGTA 2340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 194584 GCCACAAACAAGGTTGTGCAGGCGCCTGTGGTGTGTGGTGTGTGAATTCTAGCCAAGGAGTA 194643

Qy   2341 ACAGTGATCTGTCACAGGCTTTTAAAAGATTGCTCTGGCTCTATCTGGAAAGCAGAATG 2400
Db 194644 ACAGTGATCTGTCACAGGCTTTTAAAAGATTGCTCTGGCTCTATCTGGAAAGCAGAATG 194703

Qy   2401 AAGGGAGCAACAGTAAAAGCAGGGAGCCCAGCCACAGTCGTTACACAGTCCAGGCAAG 2460
Db 194704 AAGGGAGCAACAGTAAAAGCAGGGAGCCCAGCCACAGTCGTTACACAGTCCAGGCAAG 194763

Qy   2461 AGGTAGTGGATGGGCTCGGGTGGGTGGGTGGGAACAGAAAAGGGAGTGACAAACCATTGTCTCCTGAA 2520
Db 194764 AGGTAGTGGATGGGCTCGGGTGGGTGGGTGGGAACAGAAAAGGGAGTGACAAACCATTGTCTCCTGAA 194823

Qy   2521 TATATTCTGAAGGAAGTTGCTGAAGGAGGAGGAGGAGCCAAGGAGCAGATTCCTGAGTCAGGA 2580
Db 194824 TATATTCTGAAGGAAGTTGCTGAAGGAGGAGGAGGAGCCAAGGAGCAGATTCCTGAGTCAGGA 194883

Qy   2581 CTGGGGTGTAGTAGCTCATGCCAAGGAGGCCAAGGAGCAGACCCCTTCTGTGAGCTCAGGA 2640
Db 194884 CTGGGGTGTAGTAGCTCATGCCAAGGAGGCCAAGGAGCAGACCCCTTCTGTGAGCTCAGGA 194943

Qy   2641 GTTCAAGACCAGCCTGGGCAACAGCACAGCAAAACCCCTTCTCTACAAAAAATACAAAAATTA 2700
Db 194944 GTTCAAGACCAGCCTGGGCAACAGCACAGCAAAACCCCTTCTCTACAAAAAATACAAAAATTA 195003

Qy   2701 GCTGGGTGTGGTGGCATGGCACCTGTGATCCTCAGCTACTCGGGAGGCTGAGGTGGGGTA 2760
Db 195004 GCTGGGTGTGGTGGCATGGCACCTGTGATCCTCAGCTACTCGGGAGGCTGAGGTGGGGTA 195063

Qy   2761 TTGCTTGAGCCCAGGAGGTTGAGGCTGCAGTGAGCCATGACTGTGCCACTGTACTTCAGC 2820
Db 195064 TTGCTTGAGCCCAGGAGGTTGAGGCTGCAGTGAGCCATGACTGTGCCACTGTACTTCAGC 195123

Qy   2821 CTAGTGACAGAGCAAGACCCGTCTCCCCGTGAAAAGAGAAGAGTTAAAGT 2880
Db 195124 CTAGTGACAGAGCAAGACCCGTCTCCCCGTGAAAAGAGAAGAGTTAAAGT 195183

Qy   2881 TGACTTGTTCTTTATTTAATTTATTTAATTTAATTGGCCTGAGAGTGGGGTAATTGCAATGCCAT 2940
Db 195184 TGACTTGTTCTTTATTTAATTTATTTAATTTAATTGGCCTGAGAGTGGGGTAATTGCAATGCCAT 195243

Qy   2941 TTCTGAGATGGTGAAGGCAGAGGAAAGAGCAGTTTGGGTAAATCAAGGATCTGCATTTG 3000
Db 195244 TTCTGAGATGGTGAAGGCAGAGGAAAGAGCAGTTTGGGTAAATCAAGGATCTGCATTTG 195303

Qy   3001 GGACATGTAAGTTTGAGATTCCCAAGTGGTGAGGCCCACATAGGCAGTT 3060
Db 195304 GGACATGTAAGTTTGAGATTCCCAAGTGGTGAGGCCCACATAGGCAGTT 195363

Qy   3061 CAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGCTGCTCACTTCGTGTAATCCCAGCACT 3120
Db 195364 CAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGCTGCTCACTTCGTGTAATCCCAGCACT 195423

Qy   3121 TTGGTGGCTGAGGCAGGTAGATCATTTGAGGTCAGGAGTTTGAGACCAAGCCTGGCCAACA 3180
Db 195424 TTGGTGGCTGAGGCAGGTAGATCATTTGAGGTCAGGAGTTTGAGACCAAGCCTGGCCAACA 195483

Qy   3181 TGGTGAAACCCCGTCTACTAAAAATACAAAAATTAGCCTGGTGGTGGCGCGCACGCCT 3240
Db 195484 TGGTGAAACCCCGTCTACTAAAAATACAAAAATTAGCCTGGTGGTGGCGCGCACGCCT 195543

Qy   3241 ATAGTCCCAGCTTTTCAGGAGGCTTAGGTAGGAGAATCCCTTGAACCCAGGAGGTGCAGG 3300
Db 195544 ATAGTCCCAGCTTTTCAGGAGGCTTAGGTAGGAGAATCCCTTGAACCCAGGAGGTGCAGG 195603

Qy   3301 TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGATGAGAGTGAGACTCTGT 3360
Db 195604 TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGATGAGAGTGAGACTCTGT 195663
```

Qy   3361 CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTTCAGGATTTGGC 3420
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195664 CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTTCAGGATTTGGG 195723

Qy   3421 TCTAATTTGCCCTGAGCACCACTCCTGAGTTCAACTACCATGGCTAGACACCTTAAC 3480
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195724 TCTAATTTGCCCTGAGCACCACTCCTGAGTTCAACTACCATGGCTAGACACCTTAAC 195783

Qy   3481 ATTTTCTAGAATCCACCAGCTTTAGTGGAGTCTGTCTAATCATGAGTATTGGAATAGGAT 3540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195784 ATTTTCTAGAATCCACCAGCTTTAGTGGAGTCTGTCTAATCATGAGTATTGGAATAGGAT 195843

Qy   3541 CTGGGGGCAGTGAGGGGGTGCAGCCACGTGGCAGCCACGTGGCAGAGAAAAGCACACAAGGAAAGAGC 3600
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195844 CTGGGGGCAGTGAGGGGGTGCAGCCACGTGGCAGCCACGTGGCAGAGAAAAGCACACAAGGAAAGAGC 195903

Qy   3601 ACCCAGGACTGTCATATGGAAGAAAGACAGGACTGCAACTCACCCTTCACAAAATGAGGA 3660
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195904 ACCCAGGACTGTCATATGGAAGAAAGACAGGACTGCAACTCACCCTTCACAAAATGAGGA 195963

Qy   3661 CCAGACACAGCTGATGGTATGAGTTGAGGTGTGTGGAGCCTCAACATCCTGCTCCC 3720
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195964 CCAGACACAGCTGATGGTATGAGTTGAGGTGTGTGGAGCCTCAACATCCTGCTCCC 196023

Qy   3721 CTCCTACTACACATGGTTAAGGCCTGTTGCTTCGTCTCCAGGTTCACACTCTCTGCACTA 3780
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196024 CTCCTACTACACATGGTTAAGGCCTGTTGCTTCGTCTCCAGGTTCACACTCTCTGCACTA 196083

Qy   3781 CCTCTTCATGGGTGCCTCAGACGCAGGACCTTGGTCTTTCCTTGTTGAAGCTTTGGGCTA 3840
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196084 CCTCTTCATGGGTGCCTCAGACGCAGGACCTTGGTCTTTCCTTGTTGAAGCTTTGGGCTA 196143

Qy   3841 CGTGGATGACCAGCTGTTCGTGTTCTATGATCATGAGAGTCGCCCGTGTGGAGCCCCGAAC 3900
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196144 CGTGGATGACCAGCTGTTCGTGTTCTATGATCATGAGAGTCGCCCGTGTGGAGCCCCGAAC 196203

Qy   3901 TCCATGGGTTTCCAGTAGAATTTCAAGCCAGATGTGGCTGCAGAGTCTGAA 3960
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196204 TCCATGGGTTTCCAGTAGAATTTCAAGCCAGATGTGGCTGCAGAGTCTGAA 196263

Qy   3961 AGGGTGGGATCACACATGTCACTGTTGGACTTCTGACTTCTGGACTATTATGGAAAATCACAACCACAG 4020
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196264 AGGGTGGGATCACACATGTCACTGTTGGACTTCTGGACTATTATGGAAAATCACAACCACAG 196323

Qy   4021 CAAGGGTATGTGGAGAGGGGGCCCTCACCTTCCTGAGGTTGTCAGAGCTTTCATCTTTTC 4080
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196324 CAAGGGTATGTGGAGAGGGGGCCCTCACCTTCCTGAGGTTGTCAGAGCTTTCATCTTTTC 196383

Qy   4081 ATGCATCTTGAAGGAAACAGCTGGAAGCTGGAAGTCTGGAAGTCTGGAAGGGAGGGGAAG 4140
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196384 ATGCATCTTGAAGGAAACAGCTGGAAGCTGGAAGTCTGGAAGTCTGGAAGGGAGGGGAAG 196443

Qy   4141 GAATTGCTTCCTGAGATCATTGGTCCTGGGGATGGTGAAATAGGGACCTATTCCTT 4200
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196444 GAATTTGCTTCCTGAGATCATTGGTCCTGGGGATGGTGAAATAGGGACCTATTCCTT 196503

Qy   4201 TGGTTGCAGTTAACAAGGCTGGGGATTTTTCCACACCCTGCAGGTCATCCTG 4260
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196504 TGGTTGCAGTTAACAAGGCTGGGGATTTTTCCACACCCTGCAGGTCATCCTG 196563

Qy   4261 GGCTGTGAAATGCAAGAGAACAACAGTACCGGCTACTGGGTATGATGGG 4320
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196564 GGCTGTGAAATGCAAGAGAACAACAGTACCGGCTACTGGGTATGATGGG 196623

Qy   4321 CAGGACCACCTTGAATTCTGCCCTGGATTGGAGAGCAGCAGAACCCAGGGCC 4380
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196624 CAGGACCACCTTGAATTCTGCCCTGGATTGGAGAGCAGCAGAACCCAGGGCC 196683

Qy   4381 TGGCCCAAGCTGGAGTGGGAAAGGCACAAGATTCGGGCCAGCAGAACAGGGCCTAC 4440
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196684 TGGCCCAAGCTGGAGTGGGAAAGGCACAAGATTCGGGCCAGCAGAACAGGGCCTAC 196743

Qy   4441 CTGGAGAGGGACTGCCCTGCCCCTGCCACAGCTGCTGGGGAGCTGGGGAGGTGTTTG 4500
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Qy   4501 GACCAACAAGTATGGTGAAACACACTTCTGCCCCTATACTCTAGTGGCAGAGTGGAGG 4560
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196744 CTGGAGAGGGACTGCCCTGCCCCTGCCACAGCTGCTGGGGAGCTGGGGAGGTGTTTG 196803

Db 196804 GACCAACAAGTATGGTGAAACACACTTCTGCCCCTATACTCTAGTGGCAGAGTGGAGG 196863

Qy   4561 AGGTTGCAGGGCACCGGAATCCCTGGTTGCAGTTTCAGAGGTGGCTGCAGAGGTGTGCCTC 4620
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196864 AGGTTGCAGGGCACCGGAATCCCTGGTTCAGAGGTTTCAGAGGTGGCTGCAGAGGTGTGTCCTC 196923

Qy   4621 TCCAAATTCTGGGAAGGGACTTTCTCAATCCTAGAGTCTCAATTGAGATGTA 4680
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196924 TCCAAATTCTGGGAAGGGACTTTCTCAATCCTAGAGTCTCTTATAATTGAGATGTA 196983

Qy   4681 TGAGACAGCCACAGTCATGGGTTAATTTCTTTCTTCCATGCATATGTTATATTATACCTGTTAA 4740
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196984 TGAGACAGCCACAGTCATGGGTTTAATTTCTTTCTTTTCCATGCATATGTTATATTTATACCTGTTAA 197043

Qy   4741 GTGTCTATGGCCCTTGCTTTTTATTTAACCAATAATCTTTGTATATTCTTTGTATATTTATACCTGTTAA 4800
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197044 GTGTCTATGGCCCTTTGCTTTTTTATTTTAACCAATAATCTTTGTATATTCTTTGTATATTTATACCTGTTAA 197103

Qy   4801 AAATTCAGAAATGTCAAGGCCGGGCACGGTGGCTCACCCCTGTAATCCCAGCACTTTGGG 4860
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197104 AAATTCAGAAATGTCAAGGCCGGGCACGGTGGCTCACCCCTGTAATCCCAGCACTTTGGG 197163

Qy   4861 AGGCCGAGGCCGGGTGGTCACAAGGTCAGGAGTTGAGACCAGCCTGACCAACATGGTGAA 4920
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197164 AGGCCGAGGCCGGGTGGTCACAAGGTCAGGAGTTGAGACCAGCCTGACCAACATGGTGAA 197223

Qy   4921 ACCCGTCTCTAAAAAATACAAAAATTAGTCTGGTCACAGTGTGAACCTGGAAGCGGAAGTTGCACTGA 4980
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197224 ACCCGTCTCTAAAAAATACAAAAATTAGTCTGGTCACAGTGTGAACCTGGAAGCGGAAGTTGCACTGA 197283

Qy   4981 GCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGAGCAATCGCTTGAACCTGGGAGGCGGAAGTTGCACTGA 5040
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197284 GCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGAGCATCGCTTGAACCTGGGAGGCGGAAGTTGCACTGA 197343

Qy   5041 GCCAAGATCGCGCCACTGCACTCCAGCCTGGGCAGAGTGAGACTCCATCTTAAAAAA 5100
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197344 GCCAAGATCGCGCCACTGCACTCCAGCCTGGGCAGAGTGAGACTCCATCTTAAAAAA 197403

Qy   5101 AAAAAAAAAAAAAAAGAGAATTCAGAGATCTCAGCTATCATATACCAGGACAAA 5160
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197404 AAAAAAAAAAAAAAAGAGAATTCAGAGATCTCAGCTATCATATGATAATGAATACCAGGACAAA 197463

Qy   5161 ATATCAAGTGAGGCCACTTATCATGAGAATCCTTAGGTTAAAAGTTTCTTTCAT 5220
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197464 ATATCAAGTGAGGCCACTTATCACGAGTAGAAGAATCCTTTAGGTTAAAAGTTCTTTCAT 197523

Qy   5221 AGAACATAGCAATAATCACTGAAGCTACCTATCTTCTTATAACAATGC 5280
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197524 AGAACATAGCAATAATCACTGAAGCTACCTATCTTCTTATAAACAATGC 197583

Qy   5281 CTCCTAGGTTGACCCAGTGAAACTGACCATCTGTATTCAATCATTTTCAATGCACATAA 5340
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197584 CTCCTAGGTTGACCCAGTGAAACTGACCATCTGTATTCAATCATTTTCAATGCACATAA 197643

Qy   5341 AGGAGAACAAGCTGATCTGACTGTCTCTCCGTAGCTTGTTGTTGAGTCCAATCTTAGG 5400
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197644 AGGAGAACAAGCTGATCTGACTGTCTCTCCGTAGCTTGTTGTTGAGTCCAATCTTAGG 197703

Qy   5401 ACACAAAATGGTGTCTCTCTGTAGCTTGTTTTTTTCTGAAAAGGGTATTTCCTTCCTCC 5460
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197704 ACACAAAATGGTGTCTCTCTGTAGCTTGTTTTTTTCTGAAAAGGGTATTTCCTTCCTCC 197763

Qy   5461 AACCTTATAGAGGAGTGAAAGTTCCAGCTCTTCCTGGCCAAGGGTAAACAGATCCCCTCTC 5520
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197764 ACACAAAATGGTGTCTCTCTGTAGCTTGTTTTTTTCTGAAAAGGGTATTTCCTTCCTCC 197823

Qy   5521 AACCTTATAGAGGAGTGAAAGTTCCAGCTCTTCCTGGCCAAGGGTAAACAGATCCCCTCTC 5580
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Mon Jul, 9 10:09:29 2001

us-09-497-957-3.rge

```
Db 197824 AACCTATAGAAGGAGTGAAAGTTCCAGTCTTCCTGGCAAGGTAAACAGATCCCCTCTC   197883

Qy   5581 CTCATCCTTCCTTCCTGTCAAGTGCCTCCTTGGTGAAGGTGACACATGTGACC       5640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197884 CTCATCCTTCCTTCCTGTCAAGTGCCTCCTTGGTGAAGGTGACACATGTGACC       197943

Qy   5641 TCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGGGCCTTGAACTACTACCCCAGAACATCACCATG  5700
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197944 TCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGGGCCTTGAACTACTACCCCAGAACATCACCATG  198003

Qy   5701 AAGTGGCTGAAGGATAAGCAGCCAATGGATGCCAAGGAGTTCGAACCTAAAGACGTATTG 5760
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 198004 AAGTGGCTGAAGGATAAGCAGCCAATGGATGCCAAGGAGTTCGAACCTAAAGACGTATTG 198063

Qy   5761 CCCAATGGGATGGGACCTACCAGGCTGGATAACCTTGGCTGTGTACCCCTGGGGAAGAG  5820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 198064 CCCAATGGGATGGGACCTACCAGGCTGGATAACCTTGGCTGTGTACCCCTGGGGAAGAG  198123

Qy   5821 CAGAGATATACGTACCAGGTGGAGCACCCAGGCCCTGGATCAGCCCCTCATTGTGATCTGG 5880
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 198124 CAGAGATATACGTGCCAGGTGGAGCACCCAGGCCCTGGATCAGCCCCTCATTGTGATCTGG 198183

Qy   5881 GGTATGTGACTGACTGAGTGAGGAGCCAGGAGGCTGAGAAAATCTATTGGGGGTTGAGAGGAGTGCC 5940
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 198184 GGTATGTGACTGACTGAGTGAGGAGCCAGGAGGCTGAGAAAATCTATTGGGGGTTGAGAGGAGTGCC 198243

Qy   5941 TGAGGAGGTAATTATGGCAGTGAGATGAGGATCTGCTCTTTGTTTTAGAGCCCTCACCGTCTGGCACCC 6000
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 198244 TGAGGAGGTAATTATGGCAGTGAGATGAGGATCTGCTCTTTGTTTTAGAGCCCTCACCGTCTGGCACCC 198303

Qy   6001 GTGGCAATCAAAGGCTTTAACTTGCTTTTCTGTTTTAGAGCCCTCACCGTCTGCCACCC 6060
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 198304 GTGGCAATCAAAGGCTTTAACTTGCTTTTCTGTTTTAGAGCCCTCACCGTCTGCCACCC 198363

Qy   6061 TAGTCATTGGAGTCATCAGTGAATTGCTGTTTTTGTCGTCATCTTGTTCATTGGAATTT 6120
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 198364 TAGTCATTGGAGTCATCAGTGAATTGCTGTTTTTGTCGTCATCTTGTTCATTGGAATTT 198423

Qy   6121 TGTTCATAATATTAAGGAAGAGGCAGGGTTCAAGTGAGTAGGAACAAGGGGGAAGTCTCT 6180
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 198424 TGTTCATAATATTAAGGAAGAGGCAGGGTTCAAGTGAGTAGGAACAAGGGGGAAGTCTCT 198483

Qy   6181 TAGTACCTCTGCCCCAGGGCACAGTGGGAAGAGGGCAGAGAGGGCAGAGGGGCAGCAGTCCCATGGG 6240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 198484 TAGTACCTCTGCCCCAGGGCACAGTGGGAAGAGGGCAGAGAGGGCAGAGGGGCAGCAGTCCCATGGG 198543

Qy   6241 AAGCATTTTTCTGCATTTATATTCTTTGGGGACACCAGCTCCCTGGGAGACAGAAAAT 6300
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 198544 AAGCATTTTTCTGCATTTATATTCTTTGGGGACACCAGCTCCCTGGGAGACAGAAAAT 198603

Qy   6301 AATGGTTCTCCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCAACAAACATCTTCAGAGCACCTACTAT 6360
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 198604 AATGGTTCTCCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCAACAAACATCTTCAGAGCACCTACTAT 198663

Qy   6361 TTTGCAAGCTGTTAAGGTAGTAGTACAGGGGCTTTGAGGTTGAGAAGTCACTGTGGCTAT 6420
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 198664 TTTGCAAGCTGTTAAGGTAGTAGTACAGGGGCTTTGAGGTTGAGAAGTCACTGTGGCTAT 198723

Qy   6421 TCTCAGAACCCAAATCTGGTAGGGAATGAATTGATAGCAAGTAAATGTGTCAAAGGAAAGAATG 6480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 198724 TCTCAGAACCCAAATCTGGTAGGGAATGAATTGATAGCAAGTAAATGTGTCAAAGGAAAGAATG 198783

Qy   6481 ACCCCATGAGGTCCTAAAGCCTAAAGGTCCTTAGGGTGTCAAAGGAAAGAATG 6540
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 198784 ACCCCATGAGGTCCTAAAGCCTAAAGGTCCTTAGGGTGTCAAAGGAAAGAATG 198843

Qy   6541 ATCACATTCAGCTGGGCATCGGGATCAAGATAGCCTTCTGAAGGAGAAGCTGGATTCCA 6600
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 198844 ATCACATTCAGCTGGGCATCGGGATCAAGATAGCCTTCTGAAGGAGAAGCTGGATTCTC 198903

Qy   6601 TTAGGTGAGGTTGAAGATGATGGAGTGGAGTGGAGTGAGTGACACGGAGCAACCATGCCAAGTAGGA 6660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 198904 TTAGGTGAGGTTGAAGATGATGGAGTGGAGTGGAGTGAGTGACACGGAGCAACCATGCCAAGTAGGA 198963
```

```
Qy   6661 GAGTATAAGGCATACTGGGAGATTAGAAATAATTACTGTACCTTAACCCTGAGTTTGCGT 6720
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 198964 GAGTATAAGGCATACTGGGAGATTAGAAATAATTACTGTACCTTAACCCTGAGTTTGCGT 199023

Qy   6721 AGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCTACCCCCTGAACATCTGTGGTGTAGGGAAAAGA 6780
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 199024 AGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCTACCCCCTGAACATCTGTGGTGTAGGGAAAAGA 199083

Qy   6781 GAATCAGAAAGAAGCCAGCTCATACAGAGTCCAAGGGTCTTTGGGATATTGGGTTATGA  6840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 199084 GAATCAGAAAGAAGCCAGCTCATACAGAGTCCAAGGGTCTTTGGGATATTGGGTTATGA  199143

Qy   6841 TCACTGGGGTGTCATTGAAGGATCCTAAGAAAGGAGGACCACGATCTCCCTTATATGGTG 6900
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 199144 TCACTGGGGTGTCATTGAAGGATCCTAAGAAAGGAGGACCACGATCTCCCTTATATGGTG 199203

Qy   6901 AATGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGGTGAGGAGCCAGTTAGAAAGCCAATAAGCAT    6960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 199204 AATGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGGTGAGGAGCCAGTTAGAAAGCCAATAAGCAT    199263

Qy   6961 TTCCAGATGAGAGATAATGGTTCTTGAAATCCAATAGTGCCCAGGTCTAAATTGAGATGG 7020
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 199264 TTCCAGATGAGAGATAATGGTTCTTGAAATCCAATAGTGCCCAGGTCTAAATTGAGATGG 199323

Qy   7021 GTGAATGAGGAGAAAATAAGGAAGAGAGAGAAGAGGCAAGATGGTTGCCCAGGTTTGTGATGCCT 7080
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 199324 GTGAATGAGGAGAAAATAAGGAAGAGAGAGAAGAGGCAAGATGGTTGCCCAGGTTTGTGATGCCT 199383

Qy   7081 CTTTCCTGGGTCTTCTTGTCTCCACAGGAGAGCCATGGGAGCCACTACGTCTTAGCTGAACG 7140
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 199384 CTTTCCTGGGTCTTCTTGTCTCCACAGGAGAGCCATGGGAGCCACTACGTCTTAGCTGAACG 199443

Qy   7141 TGAGTGACACGGAGCCTGCAGACTCACTGTGGGAGGAGACAAAACTAGAGACTCAAAGA  7200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 199444 TGAGTGACACGGAGCCTGCAGACTCACTGTGGGAGGAGACAAAACTAGAGACTCAAAGA  199503

Qy   7201 GGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCATGTTTCAGGAGAGAGTTGAACCTAAACATAGAAATT 7260
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 199504 GGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCATGTTTCAGGAGAGAGTTGAACCTAAACATAGAAATT 199563

Qy   7261 GCCTGACGAACTCCTTGATTTCATTTCATTTCCTCAAAAAGAGATTTCCCCAT    7320
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 199564 GCCTGACGAACTCCTTGATTTCATTTCATTTCCTCAAAAAGATTTTCCCCAT    199623

Qy   7321 TTAGGTTTCTGAGTTCCTGCATGCCGGTGATCCCCGTGACCTCTCCCCTGGAACTG 7380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 199624 TTAGGTTTCTGAGTTCCTGCGTGCCGGTGATCCCCGTGACCTCTCCCCTGGAACTG 199683

Qy   7381 TCTCTCATGAACCTCAAGCTGCATCTAGAGGCTTCCTTCATTTCCTTCCCGTCACCTCAGAG 7440
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 199684 TCTCTCATGAACCTCAAGCTGCATCTAGAGGCTTCCTTCATTTCCTTCCCGTCACCTCAGAG 199743

Qy   7441 ACATACACCTATGTCATTTCATTTCATTTCAACATCTGAGAAAGCTTTGAACCTTGGGGGA 7500
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 199744 ACATACACCTATGTCATTTCATTTCATTTCAACATCTGAGAAAGCTTTGAACCTTGGGGGA 199803

Qy   7501 CTTACATGATTCATTTAACATGTTTACACATGTATCCATGACCTGGACCCGTGGCTAGTCAT 7560
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 199804 CTTACATGATTCATTTAACATGTTTACACATGTATCCATGACCTGGACCCGTGGCTAGTCAT 199863

Qy   7561 AACCTTACCAGATTTTTACACATGAATCCTATGCATTTTCTGGACCCGTTCAACTTTCCT 7620
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 199864 AACCTTACCAGATTTTTACACATGAATCCTATGCATTTTCTGGACCCGTTCAACTTTCCT 199923

Qy   7621 TTGAATCCTCTCTCTGTGTTACCCAGTAACTCATCTGTCACCAAGCCTTGGGGATTCTTC 7680
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 199924 TTGAATCCTCTCTCTGTGTTACCCAGTAACTCATCTGTCACCAAGCCTTGGGGATTCTTC 199983

Qy   7681 CATCTGATTGTGATGTGAGTGAGTGACACTGCACAGCTATGAAGGCTGTACACTGCACGAATGGAAGAG 7740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 199984 CATCTGATTGTGATGTGAGTGAGTGACACTGCACAGCTATGAAGGCTGTACACTGCACGAATGGAAGAG 200043
```

us-09-497-957-3.rge

```
Qy    7741 GCACCTGCCCAGAAAAGCCATCATGGCTATCTGTGGGTAGTATGATGGTGTTTTTAGC 7800
           ||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||
Db  200044 GCACCTGTCCCAGAAAAGCCATCATGGCTATCTGTGGGTAGTATGATGGGTGTTTTTAGC 200103

Qy    7801 AGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGGGTTGTGAAGAGGTGTTTTTTCTAATTGGCATGA 7860
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  200104 AGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGGGTTGTGAAGAGGTGTTTTTTCTAATTGGCATGA 200163

Qy    7861 AGGTGTCATACAGATTTGCAAAGTTTAATGGTGCCTTCATTGGGATGCTACTCTAGTAT 7920
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  200164 AGGTGTCATACAGATTTGCAAAGTTTAATGGTGCCTTCATTGGGATGCTACTCTAGTAT 200223

Qy    7921 TCCAGACCTGAAGAATCACAATAATTTCTACCTGGTCTCTCCTGTTCTGATAATGAAA 7980
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  200224 TCCAGACCTGAAGAATCACAATAATTTCTACCTGGTCTCTCCTGTTCTGATAATGAAA 200283

Qy    7981 ATTATGATAAGGATGATAAAAGCACTTACTTCGTGTCCGACTCTTCTGAGCACCTACTTA 8040
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  200284 ATTATGATAAGGATGATAAAAGCACTTACTTCGTGTCCGACTCTTCTGAGCACCTACTTA 200343

Qy    8041 CATGCATTACTGCACTGCATGCAATGAAGTGAGGCCGGCACCGGTCACCGCTTGTAATCCC 8100
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  200344 CATGCATTACTGCACTGCATGCAATGAAGTGAGGCCGGCACCGGTCACCGCTTGTAATCCC 200403

Qy    8101 TTCTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGTAGGCCGGCACCGGTCACCGCTTGTAATCCC 8160
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  200404 TTCTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGTAGGCCGGCACCGGTCACCGCTTGTAATCCC 200463

Qy    8161 AGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGTGGATCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCCTGGC 8220
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  200464 AGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGTGGATCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCCTGGC 200523

Qy    8221 TAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGCAG 8280
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  200524 TAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGCAG 200583

Qy    8281 ACGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGGAGGCTGAGGCAGGAGAATGCATGAACCCAGGAGG 8340
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  200584 ACGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGGAGGCTGAGGCAGGAGAATGCATGAACCCAGGAGG 200643

Qy    8341 CAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTGCGCGACCACTGCACTCCAGCCTGGGCGACAGAGTGAGA 8400
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  200644 CAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTGCGCGACCACTGCACTCCAGCCTGGGCGACAGAGTGAGA 200703

Qy    8401 CTCCATCTCAAAAAAATAAAATAAAAATAAAAATGAAAAAAGAAAGTGAAGTA 8460
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  200704 CTCCATCTCAAAAAAATAAAATAAAAATAAAAATGAAAAAAGAAAGTGAAGTA 200763

Qy    8461 TAGAGTATCTCATAGTTTGTCAGTGACCACTACACAGGTTCAAACTCAGTCAATCTGACCG 8520
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  200764 TAGAGTATCTCATAGTTTGTCAGTGACCACTACACAGGTTCAAACTCAGTCAATCTGACCG 200823

Qy    8521 TTTGATACATCTCAGACGACCACCACTACATTCAGTAGTTTAGATGCCTAGAATAAATAGAGAA 8580
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  200824 TTTGATACATCTCAGACGACCACCACTACATTCAGTAGTTTAGATGCCTAGAATAAATAGAGAA 200883

Qy    8581 GGAAGGAGAGTGGCTCTTCTGTCTCTTCATTGGTGGGGACAGCAGTAGTGCCCTGCTTGGGC 8640
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  200884 GGAAGGAGAGTGGCTCTTCTGTCTCTTCATTGGTGGGGACAGCAGTAGTGCCCTGCTTGGGC 200943

Qy    8641 GAAGGGGAACAGCAGAAAAACAACCAACTGATCCTCAGCTGTCATGTTTCCTTTAAAAGTC 8700
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  200944 GAAGGGGAACAGCAGAAAAACAACCAACTGATCCTCAGCTGTCATGTTTCCTTTAAAAGTC 201003

Qy    8701 CCTGAAGGAAGGTCCTGAAATGGACTCCCTTGACTCCCTTTGCTCTCTTTGGCATTCA 8760
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  201004 CCTGAAGGAAGGTCCTGAAATGGACTCCCTTGACTCCCTTTGCTCTCTTTGGCATTCA 201063

Qy    8761 TTTCTTTGGACCCTACCGCAAGGACTGTAATTGGTGGGGACAGCAGTAGTGCCCCTGCTGGGC 8820
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  201064 TTTCTTTGGACCCTACCGCAAGGACTGTAATTGGTGGGGACAGCAGTAGTGCCCCTGCTGGGC 201123

Qy    8821 TTCACACACGGTGTCCTCCCAGGCCAGTGCCTCTGAGTCAGAACTCGTGGTGGTATTTC 8880
```

```
Qy  201124 TTCACACACGGTGTCCTCCCAGGCCAGTGCCTCTGAGTCGAGTCAGCAGAACTCGTGGTGGTATTTC 201183
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    8881 CCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCATTTGAGATGGTATAATGCAGGAAGCCACCAAGTG 8940

Qy  201184 CCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCATTTGAGATGGTATAATGCAGGAAGCCACCAAGTG 201243
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    8941 GCTTAGAGGATGCCCAGTGCTCCTTCCATGGAGCCACTGGGGTTCCGGTGCACATTAAAAAA 9000

Qy  201244 GCTTAGAGGATGCCCAGTGCTCCTTCCATGGAGCCACTGGGGTTCCGGTGCACATTAAAAAA 201303
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9001 AAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCTAGATTCTGGGAAATCAGTTCACCATGTTCA 9060

Qy  201304 AAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCTAGATTCTGGGAAATCAGTTCACCATGTTCA 201363
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9061 AAAGAGTCTTTTTTTTTTGAGACTCTATTGCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCATGAT 9120

Qy  201364 AAAGAGTCTTTTTTTTTTTTGAGACTCTATTGCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCATGAT 201423
           ||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9121 CTCGGCTCACTGTAACCTCTGCCTCCCAGGTTCAAGCGATTCTCCTGCCTCAGCCTCCCA 9180

Qy  201424 CTCGGCTCACTGTAACCTCTGCCTCCCAGGTTCAAGCGATTCTCCTGCCTCAGCCTCCCA 201483
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9181 AGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCATGCCCGGCTAATTTTGTATTTTTAGTAGA 9240

Qy  201484 AGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCATGCCCGGCTAATTTTGTATTTTTAGTAGA 201543
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9241 GACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCCTGAACCTCGTGATCCGGCC 9300

Qy  201544 GACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCCTGAACCTCGTGATCCGGCC 201603
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9301 TGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGCGTGAGCCACCCTGCCCAGCCGTCAAA 9360

Qy  201604 TGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGCGTGAGCCACCCTGCCCAGCCGTCAAA 201663
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9361 AGAGTCTTAATATATATCCAGATGCGATGTGTTTACTTTATTCTACATGCACTTG 9420

Qy  201664 AGAGTCTTAATATATATCCAGATGCGATGTGTTTACTTTATTCTACATGCACTTG 201723
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9421 GCTGCATAAATGTGGTACAAGCATTCTGTCTTGAAGGGCAGGCAGGTGCTTCAGGATACCATAT 9480

Qy  201724 GCTGCATAAATGTGGTACAAGCATTCTGTCTTGAAGGGCAGGCAGGTGCTTCAGGATACCATAT 201783
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9481 ACAGCTCAGAAGTTTCTTCTTCTTTTGTGGTTAGAAAGTATGTGAAAAAGTAAATGTGATTT 9540

Qy  201784 ACAGCTCAGAAGTTTCTTCTTCTTTTTGTGGTTAGAAAGTATGTGAAAAAGTAAATGTGATTT 201843
           ||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9541 TTAAACCATTTCTTTTTGTTTGTTGGTTAGAAAGTACAATTAAAGACGTGTTATTTAATTAGCCAG 9600

Qy  201844 TTAAACCATTTCTTTTTCTTTTTTTGTTTGTTGGTTAGAAAGTACAATTAAAGACGTGTTATTTAATTAGCCAG 201903
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9601 ACGCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAATGAATACAATTAAAGCTGTTATTGTTGCATTAAAATGCA 9660

Qy  201904 ACGCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAATGAATACAATTAAAGCTGTTATTGTTGCATTAAAATGCA 201963
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9661 TGAAAAACTATTAAACAACTGTCTATTACCTGTTAGTATTGTTAGTATTATTGTTGAAATCACAT 9720

Qy  201964 TGAAAAACTATTAAACAACTGTCTATTACCTGTTAGTATTGTTAGTATTATTGTTGAAATCACAT 202023
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9721 TATACTTTAATAAATGTATTGTATTGTACTGCATGATTTTATTGAAGTTCTTGTTC 9780

Qy  202024 TATACTTTAATAAATGTATTGTATTGTACTGCATGATTTTATTGAAGTTCTTGTTC 202083
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9781 ATCTTGTGTATATACTTAATCGCTTTGTCATTTGAGACATTATTTGCTTCTAATTT 9840

Qy  202084 ATCTTGTGTATATACTTAATCGCTTTGTCATTTGGAGACATTATTTGCTTCTAATTT 202143
           |||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||
Db    9841 CTTTACATTTGTCTTACGGAATATTTCATTCAACTGTCGTGTAGCCGAATTAATCGTGTT 9900

Qy  202144 CTTTACATTTGTCTTACGGAATATTTCATTCAACTGTCGTGTAGCCGAATTAATCGTGTT 202203
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9901 TCTTCACTCTAGGGACATTGTCCTCTCAAGTTGTAAGACATTGGTTATTTACCAGCAAAC 9960
```

```
Db 202204 TCTTCACTCTAGGGACACATTGTCGTCTGAAGTTGTATTTGTATAAGACATTGGTTATTTTACCAGCAAAC 202263
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy   9961 CATTCTGAAAGCCATATGACAAATTATTTCTCTCCTTAATATCTTAATACTGAAAGCAGA 10020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202264 CATTCTGAAAGCCATATGACAAATTATTTCTCTCCTTAATATCTTAATACTGAAAGCAGA 202323

Qy  10021 CTGCTATAAGGCTTCACTTACTCTCTTCTACCTCATCATCAAGGAATATGTTACAATTAATTTATT 10080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202324 CTGCTATAAGGCTTCACTTACTCTCTTCTACCTCATCATCAAGGAATATGTTACAATTAATTTATT 202383

Qy  10081 AGGTAAGCACATTGTTTTATATTGGTTTATTTCCACCTGGGCTGAGATTTCAAGAAACACC 10140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202384 AGGTAAGCACATTGTTTTATATTGGTTTATTTCCACCTGGGCTGAGATTTCAAGAAACACC 202443

Qy  10141 CCAGTCTTCACAGTAACACATTTCACTAACACATTTACTAACATCAGCAACTGTGGCCT 10200
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202444 CCAGTCTTCACAGTAACACATTTCACTAACACATTTACTAACATCAGCAACTGTGGCCT 202503

Qy  10201 GTTAATTTTTTTAATAGAAATTTTAAGTCCTCATTTTCTTCGGTGTTTTTAAGCTTAA 10260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202504 GTTAATTTTTTTAATAGAAATTTTAAGTCCTCATTTTCTTCGGTGTTTTTAAGCTTAA 202563

Qy  10261 TTTTTCGGCTTATTCATAAATTCTTAAGGTCAACTACATTGAAAAATCAAAGACCTG 10320
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202564 TTTTTCGGCTTATTCATAAATTCTTAAGGTCAACTACATTGAAAAATCAAAGACCTG 202623

Qy  10321 CATTTAAAATTCTTATTCACCTCTGGCAAAACCATTCACAAACCATGGTAGTAAAGAGAA 10380
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202624 CATTTAAAATTCTTATTCACCTCTGGCAAAACCATTCACAAACCATGGTAGTAAAGAGAA 202683

Qy  10381 GGGTGACACCTGTGGCCATAGGTAAATGTACCACGGTGGTCCGGTGACCAGAGATGCAG 10440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202684 GGGTGACACCTGTGGCCATAGGTAAATGTACCACGGTGGTCCGGTGACCAGAGATGCAG 202743

Qy  10441 CGCTGAGGGTTTTCCTGAAGGTAAAGGAATAAAGGAATGGGTGGAGGGGCGTGCACTGGAA 10500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202744 CGCTGAGGGTTTTCCTGAAGGTAAAGGAATAAAGGAATGGGTGGAGGGGCGTGCACTGGAA 202803

Qy  10501 ATCACTTGTAGAGAAAAGCCCCTGAAAATTGAGAAAACAAGAAAACTACTTACCAG 10560
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202804 ATCACTTGTAGAGAAAAGCCCCTGAAAATTGAGAAAACAAGAAAACTACTTACCAG 202863

Qy  10561 CTATTTGAATTGCTGGAATCACAGGCCATTGCTGAGCTGCCTGAGCTGCCTGGGAACAACAACAG 10620
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202864 CTATTTGAATTGCTGGAATCACAGGCCATTGCTGAGCTGCCTGAGCTGCCTGGGAACAACAACAG 202923

Qy  10621 AAGGAAAACAAACCACTCTGATAATCATTGAGTCAAGTACAGCAGGTGATTGAGGACTGC 10680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202924 AAGGAAAACAAACCACTCTGATAATCATTGAGTCAAGTACAGCAGGTGATTGAGGACTGC 202983

Qy  10681 TGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTTATGTTGTATTATAATAATGTCATCTTATAATACTGT 10740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202984 TGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTTATGTTGTATTATAATAATGTCATCTTATAATACTGT 203043

Qy  10741 CAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTTCACACACATTTAAAAACAAAACACTGTCTC 10800
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 203044 CAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTTCACACACATTTAAAAACAAAACACTGTCTC 203103

Qy  10801 TAAAATCCCCAAATTTTTCATAAAC 10825
          |||||||||||||||||||||||||
Db 203104 TAAAATCCCCAAATTTTTCATAAAC 203128


RESULT  2
LOCUS       AR036573     246240 bp    DNA        PAT       29-SEP-1999
DEFINITION  Sequence 21 from patent US 5872237.
ACCESSION   AR036573
VERSION     AR036573.1  GI:5953241
KEYWORDS    .
SOURCE      Unknown.
  ORGANISM  Unknown.
            Unclassified.
```

```
FEATURES            Location/Qualifiers
     source         1..246240
                    /organism="unknown"
BASE COUNT      73211 a   50177 c   50599 g   72252 t      1 others
ORIGIN

Query Match             100.0%;  Score 10823.4;  DB 9;  Length 246240;
Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
Matches 10824;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy       1 TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTAAATGTATGATTGAATTTTGAAAATCATAAATATTTA 60
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  192304 TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTAAATGTATGATTGAATTTTGAAAATCATAAATATTTA 192363

Qy      61 AATATCTAAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTCCCAATCAACACACCCCT 120
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  192364 AATATCTAAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTCCCAATCAACACACCCCT 192423

Qy     121 TCAGGATTAAAAACCAAGGGGACACTGGATCACCTAGTGTTTCACAAGCAGGTACCTT 180
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  192424 TCAGGATTAAAAACCAAGGGGACACTGGATCACCTAGTGTTTCACAAGCAGGTACCTT 192483

Qy     181 CTGCTGTAGGAGGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTTTTCACCAGGAAGT 240
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  192484 CTGCTGTAGGAGGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTTTTCACCAGGAAGT 192543

Qy     241 TTACTGGGCATCTCCTGAGCCTAGGCAATAGCTGTAGGGTGACTCTGAGGCCATCCCCG 300
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  192544 TTACTGGGCATCTCCTGAGCCTAGGCAATAGCTGTAGGGTGACTCTGAGGCCATCCCCG 192603

Qy     301 TTTCCCCGCGCCCCCAAAAGAAGAGCGGAGATTTAACGGGGACGTGCGGCCCAGAGCTGGGGAA 360
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  192604 TTTCCCCGCGCCCCCAAAAGAAGAGCGGAGATTTAACGGGGACGTGCGGCCCAGAGCTGGGGAA 192663

Qy     361 ATGGGCCCGCGAGCGAGCCAGGCCGGCCGGCCGTTCTCCTCCTGATGCTTTTGCAGACCGGTCCTG 420
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  192664 ATGGGCCCGCGAGCGAGCCAGGCCGGCCGGCCGTTCTCCTCCTGATGCTTTTGCAGACCGGTCCTG 192723

Qy     421 CAGGGGCGCTTGCTGCGTGAGTCGAGGGCTGCGAGGGCTGCGGCGCGCGCGGGGGTG 480
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  192724 CAGGGGCGCTTGCTGCGTGAGTCGAGGGCTGCGAGGGCTGCGGCGCGCGCGGGGGTG 192783

Qy     481 GAAAAATCGAAACTAGCTTTTCTTTGCGCTTGGAGTTTGCTAACTTTGGAGGACCTGC 540
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  192784 GAAAAATCGAAACTAGCTTTTCTTTGCGCTTGGAGTTTGCTAACTTTGGAGGACCTGC 192843

Qy     541 TCAACCCTATCGCAAGCCCCTCCACTTTCTCGGTCCAGACCCCGTGAGGGAGTGC 600
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  192844 TCAACCCTATCGCAAGCCCCTCCACTTTCTCGGTCCAGACCCCGTGAGGGAGTGC 192903

Qy     601 CTACCACTGAACTGCAGATAGGGGTCCCTCGCCCCTCGCCCCGGACCTGCCCCTCGCCCCCGGCTGT 660
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  192904 CTACCACTGAACTGCAGATAGGGGTCCCTCGCCCCTCGCCCCGGACCTGCCCCTCGCCCCCGGCTGT 192963

Qy     661 CCCGGCTCGCTGCGGAGTGACTTTTGGAACCGCCCACTCCCTTCCCCCAACTAGAATGCTTT 720
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  192964 CCCGGCTCGCTGCGGAGTGACTTTTGGAACCGCCCACTCCCTTCCCCCAACTAGAATGCTTT 193023

Qy     721 TAAATAAATCTCGTAGTTCCTCACTCGAGCTGAGCTGAGCGTCGGGCGTCCTAAGCCTGG 780
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  193024 TAAATAAATCTCGTAGTTCCTCACTCGAGCTGAGCTGAGCGTCGGGCGTCCTAAGCCTGG 193083

Qy     781 AACTCGGGTTTATTTCCAATGTCAGCTGTGCAGTTTTTTCCCAAACAGG 840
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  193084 AACTCGGGTTTATTTCCAATGTCAGCTGTGCAGTTTTTTCCCAAACAGG 193143

Qy     841 AAGTTCTTCCCTCGAGTGCTTGCCGGAGAAGGCTGAGCAAACCCACAGCAGGATCCGCACGG 900
```

```
Db 193144 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| 193203

Qy    901 GGTTCCACCTCAGAACGAATGCCTTGGGCGGTCGGGCGGCCGAAGAGTGGCGTTGGGGA  960
          |||||||||||||||||||||| ||||||||| |||||||||||||||||||||||||||
Db 193204 GGTTCCACCTCAGAACGAATGCGTTGGGCGGTGGGGCGGCCGAAGAGTGGCGTTGGGGA 193263

Qy    961 TCTGAATTCTTCACCATTCCACCCACTTTGGTGAGACCTGGGGTGGAGGTCTCTAGGGT 1020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193264 TCTGAATTCTTCACCATTCCACCCACTTTGGTGAGACCTGGGGTGGAGGTCTCTAGGGT 193323

Qy   1021 GGGAGGCTCCTGAGAGAGGCCTACCTCGGGCCTTTCCCCACTCTTGGCAATTGTTCTTT 1080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193324 GGGAGGCTCCTGAGAGAGGCCTACCTCGGGCCTTTCCCCACTCTTGGCAATTGTTCTTT 193383

Qy   1081 GCCTGAAAATTAAGTATATGTTAGTTTTGAACGTTGAACTGAACAATTCTCTTTCCG   1140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193384 GCCTGAAAATTAAGTATATGTTAGTTTTGAACGTTGAACTGAACAATTCTCTTTTCGG 193443

Qy   1141 CTAGGCTTTATTGATTTGCAATGTGCTGTGTAATTAAGAGGCCTCTCTACAAAGTACTGA 1200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193444 CTAGGCTTTATTGATTTGCAATGTGCTGTGTAATTAAGAGGCCTCTCTACAAAGTACTGA 193503

Qy   1201 TAATGAACATGTAAGCAATGCACTCACTTCTCAAGTTACATTCATATCTGATCTTATTTGA 1260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193504 TAATGAACATGTAAGCAATGCACTCACTTCTCAAGTTACATTCATATCTGATCTTATTTGA 193563

Qy   1261 TTTTCACTAGGCATAGGAGGTAGGAGCTAATAAATACGTTTATTTTACTAGAAGTTAACT 1320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193564 TTTTCACTAGGCATAGGAGGTAGGAGCTAATAAATACGTTTATTTTACTAGAAGTTAACT 193623

Qy   1321 GGAATTCAGATTATATAAACTCTTTCAGTTACAAAGAACATAAATAATCTGGTTTTCTG 1380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193624 GGAATTCAGATTATATAAACTCTTTCAGTTACAAAGAACATAAATAATCTGGTTTTCTG 193683

Qy   1381 ATGTTATTTCAAGTACTACAGCTGCTTCTAATCTTAGTTGACAGTGATTTTGCCCTGTAG 1440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193684 ATGTTATTTCAAGTACTACAGCTGCTTCTAATCTTAGTTGACAGTGATTTTGCCCTGTAG 193743

Qy   1441 TCTAGCACAGTGTTCTGTGGGTCACACGCCGGCCTCAGCACACTTTGAGTTTTTGGTA 1500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193744 TCTAGCACAGTGTTCTGTGGGTCACACGCCGGCCTCAGCACACTTTGAGTTTTTGGTA 193803

Qy   1501 CTACGTGTATCCACATTTTACACATGACAGAATGAGGCATGGCACGGCCTGCTTCCTGG 1560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193804 CTACGTGTATCCACATTTTACACATGACAGAATGAGGCATGGCACGGCCTGCTTCCTGG 193863

Qy   1561 CAAATTTATTCAATGGTACACTGGGCTTTGGTGGCAGAGCTCATGTCTCCACTTCATAGC 1620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193864 CAAATTTATTCAATGGTACACTGGGCTTTGGTGGCAGAGCTCATGTCTCCACTTCATAGC 193923

Qy   1621 TATGATTCTTAAACATCACACTGCATTAGAGTTGAATAATAAAATTCATGTTGAGCAG  1680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193924 TATGATTCTTAAACATCACACTGCATTAGAGTTGAATAATAAAATTCATGTTGAGCAG  193983

Qy   1681 AAATATTCATTGTTACAAGTGTAAATGAGGCTGTTGCACCATGTGTTGCACTGTTAAGCCC 1740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193984 AAATATTCATTGTTACAAGTGTAAATGAGGCTGTTGCACCATGTGTTGCACTGTTCAGC  194043

Qy   1741 CTAGGTGACAATAAGCAAATGAGCAGGAAACAGTCTTTACCCTTTGCATTCTAGTGGGAGA 1800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 194044 CTAGGTGACAATAAGCAAATGAGCAGGAAACAGTCTTTACCCTTTGCATTCTAGTGGGAGA 194103

Qy   1801 GATGACAATAAGCAAATGAGCAGGAAACAGTATACAACATCAGGGTGTTGTGA  1860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 194104 GATGACAATAAGCAAATGAGCAGGAAACAGTATACAACATCAGGGTGTTGTGA  194163

Qy   1861 GAAGCAGAGAGTCAGGGCAAGTCACTCTCGGGCTGACACTTGACAGAGACATGAAGGA 1920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 194164 GAAGCAGAGAGTCAGGGCAAGTCACTCTCGGGCTGACACTTGACAGAGACATGAAGGA 194223

Qy   1921 AATAAGAATGATATTGACTGGGAGCAGTATTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCCTGGCAAG 1980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db 194224 AATAAGAATGATATTGACTGGGAGCAGTATTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCCTGGCAAG 194283

Qy   1981 TTGGATTAAAAGCGGGTTTTCTCAGCACTACTCATGTGTGTCGTGTGTGGGGGGGGGG 2040
          |||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 194284 TTGGATTAAAAGCGGGTTTCTCAGCACTACTCATGTGTGTCGTGTGTGGGGGGGGGG 194343

Qy   2041 CGGCGTGGGGGTGGGAAGGGGACTACCATCTGCATGTAGATGTCTAGCAGTATCCTGT 2100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 194344 CGGCGTGGGGGTGGGAAGGGGACTACCATCTGCATGTAGATGTCTAGCAGTATCCTGT 194403

Qy   2101 CCTCCCTACTCACTAGGTGCTAGGAGCACTCCCCCAGTCTTGACAACCAAAAATGTCTCT 2160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 194404 CCTCCCTACTCACTAGGTGCTAGGAGCACTCCCCCAGTCTTGACAACCAAAAATGTCTCT 194463

Qy   2161 AAACTTCCACATGTCACCTAGTAGACAAACTCCTGGTTAAGAAGCTCGGGTTGAAAAA 2220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 194464 AAACTTCCACATGTCACCTAGTAGACAAACTCCTGGTTAAGAAGCTCGGGTTGAAAAA 194523

Qy   2221 AATAAACAAGTAGTGCTGGGAGTAGAGGCCAAGAAGTAGGTAATGGCTCAGAAGAGGA 2280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 194524 AATAAACAAGTAGTGCTGGGAGTAGAGGCCAAGAAGTAGGTAATGGCTCAGAAGAGGA 194583

Qy   2281 GCCACAAACAAGTTGTGCAGGCGCCTGTAGGCGTGGTGTGTGTGACAGTCTTCAGCCAAGGACTA 2340
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 194584 GCCACAAACAAGTTGTGCAGGCGCCTGTAGGCGTGGTGTGTGTGACAGTCTTCAGCCAAGGAGTA 194643

Qy   2341 ACAGTGATCTGTCACAGGCTTTAAAAGATTGCTCTGGCTGCTATGTGGAAAGCAGAATG 2400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 194644 ACAGTGATCTGTCACAGGCTTTAAAAGATTGCTCTGGCTGCTATGTGGAAAGCAGAATG 194703

Qy   2401 AAGGGAGCAACAGTAAAAGCAGGAGCCCAGCCAGGAAGCTGTTACACAGTGTTACAGGCAAG 2460
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 194704 AAGGGAGCAACAGTAAAAGCAGGAGCCCAGCCAGGAAGCTGTTACACAGTGTTACAGGCAAG 194763

Qy   2461 AGGTAGTGGAGTGGGCTGGGTGGGTGGGAACAGAAAAGGGAGTGACAAACCATTGTCTCCTGAA 2520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 194764 AGGTAGTGGAGTGGGCTGGGTGGGTGGGAACAGAAAAGGGAGTGACAAACCATTGTCTCCTGAA 194823

Qy   2521 TATATTCTGAAGGAAGTTGCTGAAGGATTCTATGTTGTGTGAGAGAAGAAGAATTGG 2580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 194824 TATATTCTGAAGGAAGTTGCTGAAGGATTCTATGTTGTGTGAGAGAAGAAGAATTGG 194883

Qy   2581 CTGGGTGTAGTAGCTCATGCCAAGGAAGTGAGGAGGCCAAGGAGCAGATTCCTGAGCTCAGGA 2640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 194884 CTGGGTGTAGTAGCTCATGCCAAGGAAGTGAGGAGGCCAAGGAGCAGATTCCTGAGCTCAGGA 194943

Qy   2641 GTTCAAGACCAGCCTGGCCAACACAGCCAAAACCCCTTCTCTACAAAAATACAAAAATTA 2700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 194944 GTTCAAGACCAGCCTGGCCAACACAGCCAAAACCCCTTCTCTACAAAAATACAAAAATTA 195003

Qy   2701 GCTGGGCGTGTGGCATGCGCACCTGTATCCTGAGCTACTCGGGAGGCTGAGGTGGAGGGTA 2760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195004 GCTGGGCGTGTGGCATGCGCACCTGTATCCTGAGCTACTCGGGAGGCTGAGGTGGAGGGTA 195063

Qy   2761 TTGCTTGAGCCCAGGAAGTTGAGGGTGCAGTGAGCCATGAGCTGCCACTGTACTTCAGC 2820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195064 TTGCTTGAGCCCAGGAAGTTGAGGGTGCAGTGAGCCATGAGCTGCCACTGTACTTCAGC 195123

Qy   2821 CTAGGTGACAGAGCAAGACCCTGTCTCCCCCTGAAAAGAGAAGAGAGTTAAAGT 2880
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195124 CTAGGTGACAGAGCAAGACCCTGTCTCCCCCTGAAAAGAGAAGAGAGTTAAAGT 195183

Qy   2881 TGACTTTGTTCTTTATTTTAATTTTATTTGGGTAATTCAAGGATCTGCATTTG 2940
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195184 TGACTTTGTTCTTTATTTTAATTTTATTTGGGTAATTCAAGGATCTGCATTTG 195243

Qy   2941 TTCTGAGATGTGAAGGCAGAGGAAAGAACAGTTGGGTAAATCAAGTGCTGAGGTGGAGGCCACATAGGCAGTT 3000
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195244 TTCTGAGATGTGAAGGCAGAGGAAAGAACAGTTGGGTAAATCAAGTGCTGAGGTGGAGGCCACATAGGCAGTT 195303

Qy   3001 GGACATGTTAAGTTGAGATTCCAAGTGTGAGGCCACATAGGCAGTT 3060
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195304 GGACATGTTAAGTTGAGATTCCAAGTGTGAGGCCACATAGGCAGTT 195363
```

Mon Jul 9 10:09:29 2001

us-09-497-957-3.rge

```
Db 197524 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
           AGAACATAGCAATAATCACTGAAGCTACCCATCTACAAGTCCGCTTCTTATAACAATGC 197583
Qy   5281 CTCCTAGGTTGACCCAGTGAAACTGACCATCTGTATTCAATTCAATGCACATAA      5340
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197584 CTCCTAGGTTGACCCAGTGAAACTGACCATCTGTATTCAATTCAATGCACATAA      197643

Qy   5341 AGGGCAATTTTATCTATCAGAACAAAGAACATGGTAACAGATATGTATATTTACATGTG   5400
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197644 AGGGCAATTTTATCTATCAGAACAAAGAACATGGTAACAGATATGTATATTTACATGTG   197703

Qy   5401 AGGAGAACAAGCTGATCTGACTGCTCTCCAAGTGACACTGTGTTAGAGTCCAATCTTAGG   5460
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197704 AGGAGAACAAGCTGATCTGACTGCTCTCCAAGTGACACTGTGTTAGAGTCCAATCTTAGG   197763

Qy   5461 ACACAAAATGGTGTCTCTCCGTAGCTTGTTTTTTCTGAAAAGGGTATTTCCTTCCTCC    5520
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197764 ACACAAAATGGTGTCTCTCCGTAGCTTGTTTTTTCTGAAAAGGGTATTTCCTTCCTCC    197823

Qy   5521 AACCTATAGAAAGGAAGTGAAAGTTCCAGTCTTCCTGGCAAGGTAAACAGATCCCCTCTC  5580
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197824 AACCTATAGAAAGGAAGTGAAAGTTCCAGTCTTCCTGGCAAGGTAAACAGATCCCCTCTC  197883

Qy   5581 CTCATCCTTCCTCTTCCTGTCAAGTGCCTCCTTGGTGAAGGTGACACATCATGTGACC    5640
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197884 CTCATCCTTCCTCTTCCTGTCAAGTGCCTCCTTGGTGAAGGTGACACATCATGTGACC    197943

Qy   5641 TCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGGGCCTTGAACTACTACCCCCAGAACATCACCATG  5700
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197944 TCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGGGCCTTGAACTACTACCCCCAGAACATCACCATG  198003

Qy   5701 AAGTGGCTGAAGGATAAGCAGACCTACCAGGTGGGAACCTTGAACCTTGGGGTTGAGGAGAG 5820
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 198004 AAGTGGCTGAAGGATAAGCAGACCTACCAGGTGGGAACCTTGAACCTTGGGGTTGAGGAGAG 198063

Qy   5761 CCCAATGGGGATGGGACCTACCAGGCTGGATAACCTTGGGCTGATCAGCCCCTCATTGTGATCTGG 5820
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 198064 CCCAATGGGGATGGGACCTACCAGGCTGGATAACCTTGGGCTGATCAGCCCCTCATTGTGATCTGG 198123

Qy   5821 CAGAGATATACGTACCAGGTGGAGCACCCAGGCTGGAGCACCCAGGCCTGGATCAGCCCCAGGCCTTGGATCAGCCCCTCATTGTCATCTGG 5880
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 198124 CAGAGATATACGTACCAGGTGGAGCACCCAGGCTGGAGCACCCAGGCCTGGATCAGCCCCAGGCCTTGGATCAGCCCCTCATTGTCATCTGG 198183

Qy   5881 GGTATGTGACTGATGAGAGAGCCAGGAGCCAGGAGCTGAGAAAATCTATTGGGGGTTGAGAGGAGTGCC 5940
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 198184 GGTATGTGACTGATGAGAGAGCCAGGAGCCAGGAGCTGAGAAAATCTATTGGGGGTTGAGAGGAGTGCC 198243

Qy   5941 TGAGGAGGTAATTATGGCAGTGAGATGAGGATCTGCTCTGTTTTTGTGTTTTTGTGCTTGTCATCTTGTTCATTGGAATTT 6000
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 198244 TGAGGAGGTAATTATGGCAGTGAGATGAGGATCTGCTCTGTTTTTGTGTTTTTGTGCTTGTCATCTTGTTCATTGGAATTT 198303

Qy   6001 GTGGCAATCAAAGGCTTTAACTTGCTTTTCTGTTTAGAGCCCTCACCGTCTGGCACCC    6060
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 198304 GTGGCAATCAAAGGCTTTAACTTGCTTTTCTGTTTAGAGCCCTCACCGTCTGGCACCC    198363

Qy   6061 TAGTCATTGGAGTCATCAGTGGAATTGCTGTTTTTTGTCGTGTTTTTGTCGTCATCTTGTTCATTGGAATTT 6120
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 198364 TAGTCATTGGAGTCATCAGTGGAATTGCTGTTTTTTGTCGTGTTTTTGTCGTCATTGGAATTT 198423

Qy   6121 TGTTCATAATATTAAGGAGAGGCAGGTTCAGTGAGTAGGAACAAGGGGAAGTCTCT     6180
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 198424 TGTTCATAATATTAAGGAGAGGCAGGTTCAGTGAGTAGGAACAAGGGGAAGTCTCT     198483

Qy   6181 TAGTACCTCTGCCCCAGGGCACAGTGGGAAGAGGGGGCAGAGGGGCAGAGGGGCATCCATGGG 6240
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 198484 TAGTACCTCTGCCCCAGGGCACAGTGGGAAGAGGGGGCAGAGGGGCAGAGGGGCATCCATGGG 198543

Qy   6241 AAGCATTTTCTCATTTATATTCTTTGGGACACCACCAGCTCCCTGGGACACAGAAAAT    6300
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 198544 AAGCATTTTCTCATTTATATTCTTTGGGACACCACCAGCTCCCTGGGACACAGAAAAT    198603

Qy   6301 AATGGTTCTCCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCAACAAACATCTTCAGAGCACCTACTAT  6360
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 198604 AATGGTTCTCCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCAACAAACATCTTCAGAGCACCTACTAT  198663

Qy   6361 TTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTAGTACAGCAGGGGCTTTGAGGTTGAGAGTCACTGTGGCTAT 6420
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 198664 TTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTAGTACAGCAGGGGCTTTGAGGTTGAGAGTCACTGTGGCTAT 198723

Qy   6421 TCTCAGAACCCAAATCTGGTAGGGAATGAAATTGATAGCAAGTAAATGTAGTTAAAGAAG  6480
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 198724 TCTCAGAACCCAAATCTGGTAGGGAATGAAATTGATAGCAAGTAAATGTAGTTAAAGAAG  198783

Qy   6481 ACCCCATGAGGTCCTAAAGCAGGCAGGAAGCAAATGCTTAGGGTGTCAAAGGAAAGAATG  6540
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 198784 ACCCCATGAGGTCCTAAAGCAGGCAGGAAGCAAATGCTTAGGGTGTCAAAGGAAAGAATG  198843

Qy   6541 ATCACATTCAGCTGGGGATCAAGATAGCCTTCTGGATCTTGAAGGAGAAGCTGGATTCCA  6600
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 198844 ATCACATTCAGCTGGGGATCAAGATAGCCTTCTGGATCTTGAAGGAGAAGCTGGATTCCA  198903

Qy   6601 TTAGGTGAGGTTGAAGATGATGGGAGTTGAAATAATTACTGTACCTTAACCTGAGTTGCGT 6660
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 198904 TTAGGTGAGGTTGAAGATGATGGGAGTTGAAATAATTACTGTACCTTAACCTGAGTTGCGT 198963

Qy   6661 GAGTATAAGGCATACTGGGAGATTAGAAATAATTACTGTACCCCCTGAACATCTGTGGTGTAGGGAAAAGA 6780
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 198964 GAGTATAAGGCATACTGGGAGATTAGAAATAATTACTGTACCCCCTGAACATCTGTGGTGTAGGGAAAAGA 199023

Qy   6721 AGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCTACCCCCTGAACATCTGTGGTGTAGGGAAAAGA 6780
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 199024 AGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCTACCCCCTGAACATCTGTGGTGTAGGGAAAAGA 199083

Qy   6781 GAATCAGAAAGAGACCAGCTCATCTACAGAGTCCAAGGGTCTCTTTTGGGATATTGGGTTATGA 6840
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 199084 GAATCAGAAAGAGACCAGCTCATCTACAGAGTCCAAGGGTCTCTTTTGGGATATTGGGTTATGA 199143

Qy   6841 TCACTGGGGTGTCATTGAAGATTGTTCTTGAAATCCAATAGTGCCCAGGTCTAAATTGAGATGG 6900
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 199144 TCACTGGGGTGTCATTGAAGATTGTTCTTGAAATCCAATAGTGCCCAGGTCTAAATTGAGATGG 199203

Qy   6901 AATGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGAGTGAGGAGAGCCAGTTGAGAAGCCAATAAGCAT  6960
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 199204 AATGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGAGTGAGGAGAGCCAGTTGAGAAGCCAATAAGCAT  199263

Qy   6961 TTCCAGATGAGAGATAATGGTTCTTGAAATCCAATAGTGCCCAGGTCTAAATTGAGATGG  7020
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 199264 TTCCAGATGAGAGATAATGGTTCTTGAAATCCAATAGTGCCCAGGTCTAAATTGAGATGG  199323

Qy   7021 GTGAATGAGGAAAATAAGGAAGAGAGGAGAGGCAAGATGGTGCCCATGGGGCACTACGTCTTCAGCTGAACG 7080
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 199324 GTGAATGAGGAAAATAAGGAAGAGAGGAGAGGCAAGATGGTGCCCATGGGGCACTACGTCTTCAGCTGAACG 199383

Qy   7081 CTTTCCTGGGTCTCTTGTCTCCACAGGAGGAGCCATGGGACTCACTGTGGGAAGGAGACAAAACTAGAGACTCAAAGA 7200
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 199384 CTTTCCTGGGTCTCTTGTCTCCACAGGAGGAGCCATGGGACTCACTGTGGGAAGGAGACAAAACTAGAGACTCAAAGA 199443

Qy   7141 TGAGTGACACGCAGCCTGCAGACTCACTGTGGGAAGGAGACAAAACTAGAGACTCAAAGA 7200
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 199444 TGAGTGACACGCAGCCTGCAGACTCACTGTGGGAAGGAGACAAAACTAGAGACTCAAAGA 199503

Qy   7201 GGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCATGTTTCATGTTTCAGGAGGTTGAACCTAAACATAGAAATT 7260
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 199504 GGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCATGTTTCATGTTTCAGGAGGTTGAACCTAAACATAGAAATT 199563

Qy   7261 GCCTGACGAACTCCTTGATTTTAGCCTTCTCTGTTCATTTCCCCAAAAAGATTTCCCCAT 7320
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 199564 GCCTGACGAACTCCTTGATTTTAGCCTTCTCTGTTCATTTCCCCAAAAAGATTTCCCCAT 199623

Qy   7321 TTAGGTTTCTGAGTTCCTGCATGCCGGTGATCCCTGACCTGTGACCTCTCCCCGGAACTG  7380
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 199624 TTAGGTTTCTGAGTTCCTGCATGCCGGTGATCCCTGACCTGTGACCTCTCCCCGGAACTG  199683

Qy   7381 TCTTCATGAACCTCAAGCTGCATCTAGAGGCTTCCTTCATTTCCTCCGTGCACCTCAGAG 7440
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 199684 TCTTCATGAACCTCAAGCTGCATCTAGAGGCTTCCTTCATTTCCTCCGTGCACCTCAGAG 199743
```

```
Qy    7441 ACATACACCTATGTCATTTCATTTCATTTCCTATTTTTGAAGAGGACTTCCTTAAATTTGGGGGA 7500
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  199744 ACATACACCTATGTCATTTCATTTCATTTCCTATTTTTGAAGAGGACTTCCTTAAATTTGGGGGA 199803

Qy    7501 CTTACATGATTCATTTTAACATCTGAGAAAAGCTTTGAACCCTGGGACGTGGCTAGTCAT 7560
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  199804 CTTACATGATTCATTTTAACATCTGAGAAAAGCTTTGAACCCTGGGACGTGGCTAGTCAT 199863

Qy    7561 AACCTTACCCAGATTTTTACACAATGTATCTATGCATTTCTTGGACCCGTTCAACTTTTCCT 7620
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  199864 AACCTTACCCAGATTTTTACACAATGTATCTATGCATTTCTTGGACCCGTTCAACTTTTCCT 199923

Qy    7621 TTGAATCCTCTCTGTGTTACCCAGTAACTCATCTGTCACCAAGCCTTGGGGATTCTTC 7680
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  199924 TTGAATCCTCTCTGTGTTACCCAGTAACTCATCTGTCACCAAGCCTTGGGGATTCTTC 199983

Qy    7681 CATCTGATTGTGATGTGAGTGCACAGCTATGAAGGCTGTACACGTGCACGAATGGAAGAG 7740
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  199984 CATCTGATTGTGATGTGAGTGCACAGCTATGAAGGCTGTACACGTGCACGAATGGAAGAG 200043

Qy    7741 GCACCTGTCCCAGAAAAAGCATCATGGGCTATCTGTGGGTAGTATGATGATGGGTGTTTTTAGC 7800
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  200044 GCACCTGTCCCAGAAAAAGCATCATGGGCTATCTGTGGGTAGTATGATGATGGGTGTTTTTAGC 200103

Qy    7801 AGGTAGGAGGCCAAATATCTTGAAAGGGGTTGTGAAGAGGTGTTTTTCTAATTGCATGA 7860
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  200104 AGGTAGGAGGCCAAATATCTTGAAAGGGGTTGTGAAGAGGTGTTTTTCTAATTGCATGA 200163

Qy    7861 AGGTGTCATACAGATTTGCAAAGTTTAATGTGCCTTCATTTGGGATGCTACCTCTAGTAT 7920
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  200164 AGGTGTCATACAGATTTGCAAAGTTTCATTTGGGATGCTACCTCTAGTAT 200223

Qy    7921 TCCAGACCTGAAGAATCACAATAATTTCTACCTGGTCTCCTTGTCTCCTTGTGATAATGAAA 7980
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  200224 TCCAGACCTGAAGAATCACAATAATTTCTACCTGGTCTCCTTGTCTCCTTGTGATAATGAAA 200283

Qy    7981 ATTATGATAAGGATGATAAAAGCACTTACTTCGTCGTCCGACTCTTCTGAGCCACTTACTTA 8040
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  200284 ATTATGATAAGGATGATAAAAGCACTTACTTCGTCGTCCGACTCTTCTGAGCCACTTACTTA 200343

Qy    8041 CATGCATTACTGCATGCACCCCATCTCTTACAATATTCTATGAGATAGGTACTATTATTCCCCAT 8100
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  200344 CATGCATTACTGCATGCACCCCATCTCTTACAATATTCTATGAGATAGGTACTATTATTCCCCAT 200403

Qy    8101 TCTTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGTAGGCCGGCACGGTGGCTCACGCCTGTAATCCC 8160
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  200404 TTCTTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGTAGGCCGGCACGGTGGCTCACGCCTGTAATCCC 200463

Qy    8161 AGCACTTTGGGAGGCCAAAGCCGGAGTTGCGATCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCCTGGC 8220
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  200464 AGCACTTTGGGAGGCCAAAGCCGGAGTTGCGATCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCCTGGC 200523

Qy    8221 TAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATAACAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGCAG 8280
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  200524 TAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATAACAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGCAG 200583

Qy    8281 ACGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGGAAGCTGAGGCAGGAGAATGGCATGAACCCAGGAGG 8340
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  200584 ACGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGGAAGCTGAGGCAGGAGAATGGCATGAACCCAGGAGG 200643

Qy    8341 CAGAGCTTGCGACTGAGCCGAGTTTGCGCCACTGCGCCACTCCAGCCTGACAGAGTGAGA 8400
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  200644 CAGAGCTTGCGACTGAGCCGAGTTTGCGCCACTGCGCCACTCCAGCCTGACAGAGTGAGA 200703

Qy    8401 CTCCATCTCAAAAAATAAAAATAAAAATAAAAAGAAAAGAAAAGTGAAGTA 8460
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  200704 CTCCATCTCAAAAAATAAAAATAAAAATAAAAAGAAAAGAAAAGTGAAGTA 200763

Qy    8461 TAGAGTATCTCATAGTTTGTCAGTGATAGAAACAGGTTTCAAACTCAGTCAATCTGACCG 8520
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  200764 TAGAGTATCTCATAGTTTGTCAGTGATAGAAACAGGTTTCAAACTCAGTCAATCTGACCG 200823


Qy    8521 TTTGATACATCTCAGACACCACTACATTCAGTAGTTTAGATGCCTAGAATAAATAGAGAA 8580
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  200824 TTTGATACATCTCAGACACCACTACATTCAGTAGTTTAGATGCCTAGAATAAATAGAGAA 200883

Qy    8581 GGAAGGAGATGGCTCTTCTTCTTGTTCTTCGAGTGAGCTTGAATCACAT 8640
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  200884 GGAAGGAGATGGCTCTTCTTCTTGTTCTTCGAGTGAGCTTGAATCACAT 200943

Qy    8641 GAAGGGAACAGCAGAAAACAACCAACTACGTCCTCAGCGTCATGTTCCTTTAAAAGTC 8700
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  200944 GAAGGGAACAGCAGAAAACAACCAACTACGTCCTCAGCGTCATGTTCCTTTAAAAGTC 201003

Qy    8701 CCTGAAGGAAGGTCCTGGAATGTGACTCCCGTTGCTCTCCGTGTTGCTCTCTTTGGCATTCA 8760
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  201004 CCTGAAGGAAGGTCCTGGAATGTGACTCCCGTTGCTCTCCGTGTTGCTCTCTTTGGCATTCA 201063

Qy    8761 TTTCTTTGGACCCTTGGCAGCTATGGTGGGGACAGCTAGTGGCCCTGCTGGC 8820
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  201064 TTTCTTTGGACCCTTGGCAGCTATGGTGGGGACAGCTAGTGGCCCTGCTGGC 201123

Qy    8821 TTCACACACGGTGTCTCCTCCCAGGCCAGTGCCTCTGGAGTCAGAACTCTGGTGGTATTTC 8880
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  201124 TTCACACACGGTGTCTCCTCCCAGGCCAGTGCCTCTGGAGTCAGAACTCTGGTGGTATTTC 201183

Qy    8881 CCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCATTTGAGATGGTATAATGGAAGCCACCAAGTG 8940
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  201184 CCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCATTTGAGATGGTATAATGGAAGCCACCAAGTG 201243

Qy    8941 GCTTAGGAGGATGCCCAGGTCCTTCCATGGAGGCCACTGGGTTCCGGTTGCACATTAAAAA 9000
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  201244 GCTTAGGAGGATGCCCAGGTCCTTCCATGGAGGCCACTGGGTTCCGGTTGCACATTAAAAA 201303

Qy    9001 AAAATCTAACCAGGACCATTCAGGAATTGCTAGATTCTGGGAAATCAGTTCACCATGTTCA 9060
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  201304 AAAATCTAACCAGGACACATTCAGGAATTGCTAGATTCTGGGAAATCAGTTCACCATGTTCA 201363

Qy    9061 AAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTTTTGAGACTCTATTGCCCAGCTGGAGTGCAATGGCATGAT 9120
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  201364 AAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTTGAGACTCTATTGCCCAGCTGGAGTGCAATGGCATGAT 201423

Qy    9121 CTCGGCTCACTGTAACCTGCCTCGCCTCCCAGGTTCAAGCGATTCTCCTGCCTCAGCCTCCCA 9180
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  201424 CTCGGCTCACTGTAACCTGCCTCGCCTCCCAGGTTCAAGCGATTCTCCTGCCTCAGCCTCCCA 201483

Qy    9181 AGTAGCTGGGATTACAGGCGTGAGCCACCATGCCCGGCTAATTTTGTATTTTTAGTAGA 9240
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  201484 AGTAGCTGGGATTACAGGCGTGAGCCACCATGCCCGGCTAATTTTGTATTTTTAGTAGA 201543

Qy    9241 GACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGATCTGGAGATCTCCTGACCTCGTGATCCGCC 9300
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  201544 GACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGATCTGGAGATCTCCTGACCTCGTGATCCGCC 201603

Qy    9301 TGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGTGTGAGCCACCGGCCGGCCGTCAAA 9360
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  201604 TGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGTGTGAGCCACCGGCCGGCCGTCAAA 201663

Qy    9361 AGAGTCTTAATATATATATCCAGATGGCATGTGTTACTTATGTACATACACTTG 9420
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  201664 AGAGTCTTAATATATATATCCAGATGGCATGTGTTACTTATGTACATACACTTG 201723

Qy    9421 GCTGCATAAAATGTGTACAAGCATTCTGTCTTGAAGGGCAGGTGCTTCAGGATACCATAT 9480
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  201724 GCTGCATAAAATGTGTACAAGCATTCTGTCTTGAAGGGCAGGTGCTTCAGGATACCATAT 201783

Qy    9481 ACAGCTTCAGAAGTTTCTTCTTTTAGGCATTAAATTTTAGCAAAGATATCTCATCTCTTCTT 9540
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  201784 ACAGCTTCAGAAGTTTCTTCTTTTAGGCATTAAATTTTAGCAAAGATATCTCATCTCTTCTT 201843

Qy    9541 TTAAACCATTTCTTTTTGTGGTTGAGAAAAGTAATGATACAATTAAAGTCTGTTATTAGCCAG 9600
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  201844 TTAAACCATTTCTTTTTGTGGTTGAGAAAAGTAATGATACAATTAAAGTCTGTTATTAGCCAG 201903

Qy    9601 ACGCTCATTGTGAGAAAAGTCTATAAAAATGAATCAAATGGTATTATTTAATTAGCCAG 9660
```

```
Db 202984  TGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTTATGTTGTGTTATTAAATAATGTCATCTTATAAATACTGT 203043
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  10741  CAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTCACACACATTTAAAACAAAACACTGTCTC 10800
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 203044  CAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTCACACACATTTAAAACAAAACACTGTCTC 203103

Qy  10801  TAAAATCCCAAATTTTCATAAAC 10825
           |||||||||||||||||||||||
Db 203104  TAAAATCCCAAATTTTCATAAAC 203128

RESULT   3
AR036574
LOCUS        AR036574        246240 bp     DNA                   PAT    29-SEP-1999
DEFINITION   Sequence 22 from patent US 5872237.
ACCESSION    AR036574
VERSION      AR036574.1      GI:5953242
KEYWORDS     .
SOURCE       Unknown.
  ORGANISM   Unknown.
             Unclassified.
REFERENCE    1  (bases 1 to 246240)
  AUTHORS    Feder,J.Nathan, Kronmal,G.Scott, Lauer,P.M., Ruddy,D.A., Thomas,W.,
             Tsuchihashi,Z. and Wolff,R.K.
  TITLE      Megabase transcript map: novel sequences and antibodies thereto
  JOURNAL    Patent: US 5872237-A 22 16-FEB-1999;
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..246240
                     /organism="unknown"
BASE COUNT    73211 a  50177 c  50599 g  72252 t   1 others
ORIGIN

Query Match          100.0%;  Best Local Similarity   100.0%;  Score 10823.4;  DB 9;  Length 246240;
Matches 10824;  Conservative   0;  Mismatches    0;  Indels   0;  Gaps  0;  Pred. No. 0;

Qy      1  TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTAAATGTATGATTGAATTTTGAAAATCATAAATATTTA 60
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 192304  TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTAAATGTATGATTGAATTTTGAAAATCATAAATATTTA 192363

Qy     61  AATATCTAAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTCCCAATCAACAACACCCCT 120
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 192364  AATATCTAAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTCCCAATCAACAACACCCCT 192423

Qy    121  TCAGGATTTAAAAACCAAGGGGACACTGGATCACCTAGTGTTTCACAAGCAGGTACCTT 180
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 192424  TCAGGATTTAAAAACCAAGGGGACACTGGATCACCTAGTGTTTCACAAGCAGGTACCTT 192483

Qy    181  CTGCTGTAGGAGAGAGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTTGCTTTCACCAGGAAGTT 240
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 192484  CTGCTGTAGGAGAGAGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTTGCTTTCACCAGGAAGTT 192543

Qy    241  TTACTGGCATCCTCCTAGGCAATAGCTGTGAGGTGACTTCTGGAGCCATCCCG 300
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 192544  TTACTGGCATCCTCCTAGGCAATAGCTGTGAGGTGACTTCTGGAGCCATCCCG 192603

Qy    301  TTTCCCGCCCCCCAAAAGAAGCGGAGATTTAACGGGGACGGGGAGCTGGGGAA 360
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 192604  TTTCCCGCCCCCCAAAAGAAGCGGAGATTTAACGGGGACGGGGAGCTGGGGAA 192663

Qy    361  ATGGGGCCCCAGCAGGCCTTTGCGAGTGCTTTTGCGAGACCGCGGTCCTG 420
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 192664  ATGGGGCCCCAGCAGGCCTTTGCGAGTGCTTTTGCGAGACCGCGGTCCTG 192723

Qy    421  CAGGGGCGGCTTGCTGCCGAGTCCGAGGGCTGCGGGGCGGGGGTG 480
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 192724  CAGGGGCGGCTTGCTGCCGAGTCCGAGGGCTGCGGGGCGGGGGTG 192783

Qy    481  GAAAAATCGAAACTAGCTTTTCTTTGCGCTTTGGGAGTTTGCTAACTTTGGAGGACCTGC 540
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 192784  GAAAAATCGAAACTAGCTTTTCTTTGCGCTTTGGGAGTTTGCTAACTTTGGAGGACCTGC 192843
```

```
Db 201904  ACGCTCATTGTGAGAAAAGCTATAAAAATGAATACAAGCTGTGTTATTTATTTAATTAGTCCAG 201963
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy   9661  TGAAAACTATTAACAACTTGTCTATTACCTGTTAGTATTATTGTTGCATTAAAAATGCA 9720
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201964  TGAAAACTATTAACAACTTGTCTATTACCTGTTAGTATTATTGTTGCATTAAAAATGCA 202023

Qy   9721  TATACTTTAATAAATGTATATTGTATTGTATTGTATACTGCATGATTTATTGAAGTTCTTGTTC 9780
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202024  TATACTTTAATAAATGTATATTGTATTGTATTGTATACTGCATGATTTATTGAAGTTCTTGTTC 202083

Qy   9781  ATCTTGTGTATATACTTAATCGCTTGTCATTTGCTTTGGAGACATTTATTTTGCTTCTAATTT 9840
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202084  ATCTTGTGTATATACTTAATCGCTTGTCATTTGCTTTGGAGACATTTATTTTGCTTCTAATTT 202143

Qy   9841  CTTTACATTTTGTCTTACGGAATATTTTCATTCAACTGTGGTAGCCGAATTAATCGTGTT 9900
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202144  CTTTACATTTTGTCTTACGGAATATTTTCATTCAACTGTGGTAGCCGAATTAATCGTGTT 202203

Qy   9901  TCTTCACTCTAGGGACATTGTCGTCAAGTTGTAAGGACATTGGTTATTTTTACCAGCAAAC 9960
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202204  TCTTCACTCTAGGGACATTGTCGTCAAGTTGTAAGGACATTGGTTATTTTTACCAGCAAAC 202263

Qy   9961  CATTCTGAAAGCATATGACAAATTATTTCTCTCTTAATATCTTACTATACTGAAAGCAGA 10020
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202264  CATTCTGAAAGCATATGACAAATTATTTCTCTCTTAATATCTTACTATACTGAAAGCAGA 202323

Qy  10021  CTGCTATAAGGCTTCACTTACTCTTCTACCTCTACCTCATAAGGAATATGTTACAATTAATTTATT 10080
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202324  CTGCTATAAGGCTTCACTTACTCTTCTACCTCTACCTCATAAGGAATATGTTACAATTAATTTATT 202383

Qy  10081  AGGTAAGCATTGTTTTGTTTATATTGGTTTTATTTCACCTGGCTGAGATTTCAAGAAACACC 10140
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202384  AGGTAAGCATTGTTTTGTTTATATTGGTTTTATTTCACCTGGCTGAGATTTCAAGAAACACC 202443

Qy  10141  CCAGCTCTTCACAGTAACACATTTCACTAACACATTTACTAACATCAGCAACTGTGGCCT 10200
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202444  CCAGCTCTTCACAGTAACACATTTCACTAACACATTTACTAACATCAGCAACTGTGGCCT 202503

Qy  10201  GTTAATTTTTTAATAGAAATTTTAAGTCCTCATTTCTTCGGTGTTTTTTTAAGCTTAA 10260
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202504  GTTAATTTTTTAATAGAAATTTTAAGTCCTCATTTCTTCGGTGTTTTTTTAAGCTTAA 202563

Qy  10261  TTTTTCTGGCTTTATTCATAAATTCTTAAGGTCAACTACATTTGAAAAATCAAAGACCTG 10320
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202564  TTTTTCTGGCTTTATTCATAAATTCTTAAGGTCAACTACATTTGAAAAATCAAAGACCTG 202623

Qy  10321  CATTTAAAATTCTTATTCACCTCGGCAAAACCATTCACAAAACCATTCACAAAACCATTCACAAAACCATTCAC 10380
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202624  CATTTAAAATTCTTATTCACCTCGGCAAAACCATTCACAAAACCATTCACAAAACCATTCAC 202683

Qy  10381  GGGTGACACCTGGTGGCCATAGGTAAATGTACCACGCGGTCCGGTGACCAGAGATGCAG 10440
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202684  GGGTGACACCTGGTGGCCATAGGTAAATGTACCACGCGGTCCGGTGACCAGAGATGCAG 202743

Qy  10441  CGCTGAGGGTTTTCCTGAAGTAAAGGAATAAAGAATAAAGGAATAAAGAATAAAGGATGCGTGCACTGGAA 10500
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202744  CGCTGAGGGTTTTCCTGAAGTAAAGGAATAAAGAATAAAGGAATAAAGAATAAAGGATGCGTGCACTGGAA 202803

Qy  10501  ATCACTTGTAGAGAAAAGCCCCTGAAAATTTGAGAAAACAAGAAACTACTTACCAG 10560
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202804  ATCACTTGTAGAGAAAAGCCCCTGAAAATTTGAGAAAACAAGAAACTACTTACCAG 202863

Qy  10561  CTATTTGAATTGCTGGAATCACAGGCCATTGCTGAGCTGCCTGAGCGTCGCGGAACACAACAG 10620
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202864  CTATTTGAATTGCTGGAATCACAGGCCATTGCTGAGCTGCCTGAGCGTCGCGGAACACAACAG 202923

Qy  10621  AAGGAAAAACAAAACCACTCTGATAATCCTGATATCATTGAGTCAAGCCACCAGGTCAGTGATTGAGGACTGC 10680
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202924  AAGGAAAAACAAAACCACTCTGATAATCATTGAGTCAAGCCACCAGGTCAGTGATTGAGGACTGC 202983

Qy  10681  TGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTTATGTTGTATTATAAATGTCATCTTATAAATACTGT 10740
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 192784
```

Left column:

```
Qy      541  TCAACCCTATCCGCAAGCCCCTCCTACTTTCTGCGTCCAGACCCCGTGAGGGAGTCC    600
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   192844  TCAACCCTATCCGCAAGCCCCTCCTACTTTCTGCGTCCAGACCCCGTGAGGGAGTGC 192903

Qy      601  CTACCACTGAACTGCAGATAGGGGTCCTCGCCCCCAGGACCTGCCCCCTCCCCGGCTGT   660
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   192904  CTACCACTGAACTGCAGATAGGGGTCCTCGCCCCCAGGACCTGCCCCCTCCCCGGCTGT 192963

Qy      661  CCCGGCTCTGGCGGAGTGACTTTGGAACCGCCACTCCCTTCCCCCCAACTAGAATGCTTT   720
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   192964  CCCGGCTCTGCGGAGTGACTTTGGAACCGCCACTCCCTTCCCCCCAACTAGAATGCTTT 193023

Qy      721  TAAATAAATCTCGTAGTTCCTCACTTGAGCTGAGCTAAGCCTGGGCTCCTGAACCTGG   780
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   193024  TAAATAAATCTCGTAGTTCCTCACTTGAGCTGAGCTAAGCCTGGGCTAAGCCTGGGCTGAACCTGG 193083

Qy      781  AACTCGGGTTTATTCCCAATGTCAGCTGTGCAGTTTTTCCCCAGTCATCTCCAAACAGG   840
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   193084  AACTCGGGTTTATTTCCCAATGTCAGCTGTGCAGTTTTTCCCCAGTCATCTCCAAACAGG 193143

Qy      841  AAGTTCTTCCCGTGAGTGCTTGCCGAGAAGGCTGAGCAAACCCACAGCAGGATCCGCACGG   900
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   193144  AAGTTCTTCCCTGAGTGCTTGCCGAGAAGGCTGAGCAAACCCACAGCAGGATCCGCACGG 193203

Qy      901  GGTTTCCACCTCAGAACCAATGCGGTTGGGCCGTGGGGCCGAAAGAGTGCCGTTGGGGA   960
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   193204  GGTTTCCACCTCAGAACCAATGCGGTTGGGCCGTGGGGCCGAAAGAGTGCCGTTGGGGA 193263

Qy      961  TCTGAATTCTTCACCATTCCACCCACTTTTGGTGAGACCTGGGGTGGGAGTCTCTAGGGT  1020
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   193264  TCTGAATTCTTCACCATTCCACCCACTTTTGGTGAGACCTGGGGTGGGAGTCTCTAGGGT 193323

Qy     1021  GGGAGGCGCCTGAGAGAGGCCTACCTCGGGGCCTTCCCCACTCTTGGCAATTGTCTTTTT  1080
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   193324  GGGAGGCGCCTGAGAGAGGCCTACCTCGGGGCCTTCCCCACTCTTGGCAATTGTCTTTTT 193383

Qy     1081  GCCTGGAAAATTAAGTATATGTTAGTTTTGAACGTTGAACTGAACAATTCTCTCTTTTCGG  1140
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   193384  GCCTGGAAAATTAAGTATATGTTAGTTTTGAACGTTGAACTGAACAATTCTCTCTTTTCGG 193443

Qy     1141  CTAGGCTTTATTGATTTGCAATGTGCTGTGTAATTAAGAGGCCCTTCTACAAAGTACTGA  1200
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   193444  CTAGGCTTTATTGATTTGCAATGTGCTGTGTAATTAAGAGGCCCTTCTACAAAGTACTGA 193503

Qy     1201  TAATGAACATGTAAGCAATGCCACTCCACTTCTAAGTACATTCATATCTGATCTTATTTGA  1260
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   193504  TAATGAACATGTAAGCAATGCCACTCCACTTCTAAGTACATTCATATCTGATCTTATTTGA 193563

Qy     1261  TTTTCACTAGGCATAGGGAGGTAGGAGCTAATAAACGTTTTATTTTACTTAGAAGTTAACT  1320
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   193564  TTTTCACTAGGCATAGGGAGGTAGGAGCTAATAAACGTTTTATTTTACTTAGAAGTTAACT 193623

Qy     1321  GGAATTCAGATTATATAAACTCTTTCAGGTTACAAAGAACATAAATAATCTGGTTTTTCTG  1380
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   193624  GGAATTCAGATTATATAAACTCTTTCAGGTTACAAAGAACATAAATAATCTGGTTTTTCTG 193683

Qy     1381  ATGTTATTTCAAGTACTACAGCTGCTTCTAATCTTAGTTGACAGTGATTTTGCCCTGTAG  1440
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   193684  ATGTTATTTCAAGTACTACAGCTGCTTCTAATCTTAGTTGACAGTGATTTTGCCCTGTAG 193743

Qy     1441  TGTAGCACAGTGTTCTGTGGGTCACACATTTTACACATGACAAGAATGGCACGGCCTCCTGG  1500
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   193744  TGTAGCACAGTGTTCTGTGGGTCACACATTTTACACATGACAAGAATGGCACGGCCTCCTGG 193803

Qy     1501  CTACGTGTATCCACATTTTGGGTGGCACACGCCTCAGCACTTTGAGTTTTGGTA  1560
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   193804  CTACGTGTATCCACATTTTGGGTGGCACACGCCTCAGCACTTTGAGTTTTGGTA 193863

Qy     1561  CAAATTTATTCAAGTGACACAGTTCAATTTCAACATTTCAAGTGACACTGACAGAGC  1620
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   193864  CAAATTTATTCAAGTGACACAGTTCAATTTCAACATTTCAAGTGACACTGACAGAGC 193923

Qy     1621  TATGATTCTTAAACATCACACTGACAGAGGTTGAATAATAAAATTCATGTTGAGCAG  1680
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

Right column:

```
Qy     1681  TATGATTCTTAAACATCACACTGACAGAGGTTGAATAATAAAATTCATGTTGAGCAG 193983
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   193924  TATGATTCTTAAACATCACACTGACAGAGGTTGAATAATAAAATTCATGTTGAGCAG 193983

Qy     1681  AAATATTCATTGTTTACAAGTCAAATGAGTCCAGCCATGTGTTGCACTGTGTTCAAGCCC  1740
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   193984  AAATATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGTCCAGCCATGTGTTGCACTGTGTTCAAGCCC 194043

Qy     1741  CAAGGGAGAGCAGGGAAACAAGTCTTTACCCTTTGATATTTTGCATTCTTAGTGGGAGA  1800
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   193984  CAAGGGAGAGCAGGGAAACAAGTCTTTACCCTTTGATATTTTGCATTCTTAGTGGGAGA 194103

Qy     1801  GATGACAATAAGCAAATGAGCAGAAAGATATACAACATCAGGAAATCATGGTGTGTGTGA  1860
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   194104  GATGACAATAAGCAAATGAGCAGAAAGATATACAACATCAGGAAATCATGGGTGTGTGA 194163

Qy     1861  GAAGCAGAGAAGTCAGGCAAGTCACTGGGGCTGACACTTGAGCAGAGACATGAAGGA  1920
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   194164  GAAGCAGAGAAGTCAGGCAAGTCACTGGGGCTGACACTTGAGCAGAGACATGAAGGA 194223

Qy     1921  AATAAGAATGATATTGACTGGGAGCAGTATTTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCCTGGCAAG  1980
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   194224  AATAAGAATGATATTGACTGGGAGCAGTATTTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCCTGGCAAG 194283

Qy     1981  TTGGATTAAAAAGCGGGTTTTCTCAGCACTACTCATGTGTGTGTGTGTGTGGGGGGGA  2040
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   194284  TTGGATTAAAAAGCGGGTTTTCTCAGCACTACTCATGTGTGTGTGTGTGTGGGGGGGG 194343

Qy     2041  CGGCGTGGGGGTGGGAAGGGGGACTACCATCTGCATGTAGGATGTCATGTAGGATATCCTGT  2100
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   194344  CGGCGTGGGGGTGGGAAGGGGGACTACCATCTGCATGTAGGATGTCATGTAGGATATCCTGT 194403

Qy     2101  CCTCCCTACTCACTAGGTGCTAGGAGCACTCCCCCAGTCTTGACAACCAAAAATGTCTCT  2160
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   194404  CCTCCCTACTCACTAGGTGCTAGGAGCACTCCCCCAGTCTTGACAACCAAAAATGTCTCT 194463

Qy     2161  AAACTTTGCCACATGTCACCTAGTACGAACAATTCCTGTTAAGAAGCTCGGGTTGAAAAA  2220
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   194464  AAACTTTGCCACATGTCACCTAGTACGAACAATTCCTGTTAAGAAGCTCGGGTTGAAAAA 194523

Qy     2221  AATAAACAAGTAGTGCTGGGGAGTAGAGGCCAAGAAGTAGGTAATGGGCTCAGAAGAGGA  2280
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   194524  AATAAACAAGTAGTGCTGGGGAGTAGAGGCCAAGAAGTAGGTAATGGGCTCAGAAGAGGA 194583

Qy     2281  GCCACAAACAAGGTGTGCAGGCGCCTGTAGGCGTGGTGGTGTGAATTCTAGCCAAGGAGTA  2340
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   194584  GCCACAAACAAGGTGTGCAGGCGCCTGTAGGCGTGGTGGTGTGAATTCTAGCCAAGGAGTA 194643

Qy     2341  ACAGTGATCTGTCACAGGCTTTAAAAGATTGCTCTCGCGCTGCTATGTGGAAAGCAGAATG  2400
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   194644  ACAGTGATCTGTCACAGGCTTTAAAAGATTGCTCTCGCGCTGCTATGTGGAAAGCAGAATG 194703

Qy     2401  AAGGGAGCAACAGTAAAAGCAGGGAGCCCAGGCAAGAGAAAAGGGAGTGACAAACCATTG  2460
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   194704  AAGGGAGCAACAGTAAAAGCAGGGAGCCCAGGCAAGAGAAAAGGGAGTGACAAACCATTG 194763

Qy     2461  AGGTAGTGAGTGGCTGGCTGGGTGGGAACAGAAAAGGGAGTGACAAACCATTGTCTCCTGAA  2520
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   194764  AGTAGTGAGTGGCTGGCTGGGTGGGAACAGAAAAGGGAGTGACAAACCATTGTCTCCTGAA 194823

Qy     2521  TATATTCTGAAGGAATTGCTGAAGGATTCTATGTGTCGTGCAAGAGAAGAGAAGAATTGG  2580
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   194824  TATATTCTGAAGGAATTGCTGAAGGATTCTATGTGTCGTGCAAGAGAAGAGAAGAATTGG 194883

Qy     2581  CTGGGTGTAGTAGCTCATGCCCAGCACTTTGCTCATGGTGGCAAGAGAGAGAGAGAGCTCCAGGA  2640
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   194884  CTGGGTGTAGTAGCTCATGCCCAGCACTTTGCTCATGGTGGCAAGAGAGAGAGAGAGCTCCAGGA 194943

Qy     2641  GTTCAAGACCAGCCTGGGCTTTGGTGCAACAGCAAAACCCCTCTACAAAAATACAAAAATTA  2700
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   194944  GTTCAAGACCAGCCTGGGCTTTGGTGCAACAGCAAAACCCCTCTACAAAAATACAAAAATTA 195003

Qy     2701  GCTGGGTGTGTGGCATCGGCACCTGTGATCCTGCTACTCGGGAGGCTGAGGTGGAGGGTA  2760
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db 195004 GCTGGGTGTGTGCCATGCACCTGTGATCCTAGCTACTCCGGAGGCTGAGGTCGAGGGTA 195063

Qy   2761 TTGCTTGAGCCCAGGAGGTGAGGCTGCCAGTGAGGCTGAGCCATGACTGCTGCCACTGTACTTCAGC 2820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195064 TTGCTTGAGCCCAGGAGGTGAGGCTGCCAGTGAGGCTGAGCCATGACTGCTGCCACTGTACTTCAGC 195123

Qy   2821 CTAGTGACAGAGCAAGACCCTGTCTCCCCGACCCCTGAAAAGAGAAGAGAGTTAAAGT 2880
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195124 CTAGTGACAGAGCAAGACCCTGTCTCCCCGACCCCTGAAAAGAGAAGAGAGTTAAAGT 195183

Qy   2881 TGACTTTGTTCTTTATTTTAATTTTATTGGCCTGAGCAGTGGGGTAATTGGCAATGCCAT 2940
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195184 TGACTTTGTTCTTTATTTTAATTTTATTGGCCTGAGCAGTGGGGTAATTGGCAATGCCAT 195243

Qy   2941 TTCTCAGATGGTGAAGCAGCAGGAGAAAGAGCAGTTTGGGGTAAATCAAGGATCTGCATTTG 3000
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195244 TTCTGAGATGGTGAAGCAGCAGGAGAAAGAGCAGTTTGGGGTAAATCAAGGATCTGCATTTG 195303

Qy   3001 GGACATGTTAAGTTTGAGATTCCAGTGAGCTTCCAAGGTGTGAGGCCACATAGGCAGTT 3060
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195304 GGACATGTTAAGTTTGAGATTCCAGTGAGCTTCCAAGGTGTGAGGCCACATAGGCAGTT 195363

Qy   3061 CAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGGCACGGTGGCTCACTTCTGTAATCCCAGCACT 3120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195364 CAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGGCACGGTGGCTCACTTCTGTAATCCCAGCACT 195423

Qy   3121 TTGGTTGGCTGAGGCAGGCAGGATCATTGAGGTAGCTTGAGACAAGCTTGGCCACACA 3180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195424 TTGGTTGGCTGAGGCAGGCAGGATCATTGAGGTAGCTTGAGACAAGCTTGGCCACACA 195483

Qy   3181 TGGTGAAACCCCATGTCTACTACAAAAATACAAAAATTAGCCTGGTGTGGTGGGCCACGCCT 3240
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195484 TGGTGAAACCCCATGTCTACTACAAAAATACAAAAATTAGCCTGGTGTGGTGGGCCACGCCT 195543

Qy   3241 ATAGTCCCAGGTTTTCAGGAGGCTTAGGTAGGAGAATCCCTTGAACCCAGGAGGTGCAGG 3300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195544 ATAGTCCCAGGTTTTCAGGAGGCTTAGGTAGGAGAATCCCTTGAACCCAGGAGGTGCAGG 195603

Qy   3301 TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGATAGAGTGAGACTCTGT 3360
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195604 TTGGTAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGATAGAGTGAGACTCTGT 195663

Qy   3361 CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGAATTATTCCTCAGGATTTGGG 3420
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195664 CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGAATTATTCCTCAGGATTTGGG 195723

Qy   3421 TCTAATTTGCCCTGAGCACCAACTCCTGAGTTCAACTACCACCGCTAGACACCTTAAC 3480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195724 TCTAATTTGCCCTGAGCACCAACTCCTGAGTTCAACTACCACCGCTAGACACCTTAAC 195783

Qy   3481 ATTTTCTAGAATCCACCAGCTTAGTGGAGTCTGTCTAATCATGAGTATTGGAATAGGAT 3540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195784 ATTTTCTAGAATCCACCAGCTTAGTGGAGTCTGTCTAATCATGAGTATTGGAATAGGAT 195843

Qy   3541 CTGGGGGCAGTGAGGGGTGGCAGCCAGCCACGTGTGGCAGAGAAAGCACACAAGGAAAGAGC 3600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195844 CTGGGGGCAGTGAGGGGTGGCAGCCAGCCACGTGTGGCAGAGAAAGCACACAAGGAAAGAGC 195903

Qy   3601 ACCCAGGACTGTCATATGGAAGAAAGACAGGACTGCAAACTCACCCTTCACCAAAATGAGGA 3660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195904 ACCCAGGACTGTCATATGGAAGAAAGACAGGACTGCAAACTCACCCTTCACAAAAATGAGGA 195963

Qy   3661 CCAGAACAGCAGCTGATGAGTTATGCAGTTGATGCAGTGTGTGGAGCCTCAACATCCTGCTCCC 3720
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195964 CCAGAACAGCAGCTGATGAGTTATGCAGTTGATGCAGTGTGTGGAGCCTCAACATCCTGCTCCC 196023

Qy   3721 CTCCTACTACACACATGGTTAAGGCCTGTCTCTGTCTGTTGCTCTGTCTGTTGCTCTGTCTGCCACTA 3780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196024 CTCCTACTACACACATGGTTAAGGCCTGTCTCTGTCTGTTGCTCTGTCTGTTGCTCTGTCTGCCACTA 196083

Qy   3781 CCTCTTCATGGGGTGCCTCAGACCAGCAGGACCTTGGTCTTTGTTGTTTGTCTTTGTTGAAGCTTTGGGCTA 3840
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196084 CCTCTTCATGGGGTGCCTCAGACCAGCAGGACCTTGGTCTTTGTTGTTTGTCTTTGTTGAAGCTTTGGGCTA 196143


Qy   3841 CGTGGATGACCAGCTGTTCGTGTTCTATGATCATGAGAGTCGCCGTGTGGAGCCCCGAAC 3900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196144 CGTGGATGACCAGCTGTTCGTGTTCTATGATCATGAGAGTCGCCGTGTGGAGCCCCGAAC 196203

Qy   3901 TCCATGGGTTCCAGTAGAATTTCAACGCCAGAGTGTGGCTGCAGCTGAGTCAGAGTCTGAA 3960
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196204 TCCATGGGTTCCAGTAGAATTTCAACGCCAGAGTGTGGCTGCAGCTGAGTCAGAGTCTGAA 196263

Qy   3961 AGGGTGGGATCACATGTTCACTGTTGACTTCTGGACTATTATGGGAAAATCACAACCACAG 4020
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196264 AGGGTGGGATCACATGTTCACTGTTGACTTCTGGACTATTATGGGAAAATCACAACCACAG 196323

Qy   4021 CAAGGGTATGTGGAGAGGGGCCTCACCTTCCTGAGGTTGTCAGAGCTTTGTCATCTTTTC 4080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196324 CAAGGGTATGTGGAGAGGGGCCTCACCTTCCTGAGGTTGTCAGAGCTTTGTCATCTTTTC 196383

Qy   4081 ATGCATCTTGAAGAAACAGCTGGAGCTCTGAGGTCTGAGGTCTGGGGAGCAGGAGAGGAAG 4140
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196384 ATGCATCTTGAAGAAACAGCTGGAGCTCTGAGGTCTGAGGTCTGGGGAGCAGGAGAGGAAG 196443

Qy   4141 GAATTTGCTTCCTGAGATCATTTGGTCATTGGGGATGTGGAAATAGGGACCTATTCCTT 4200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196444 GAATTTGCTTCCTGAGATCATTTGGTCATTGGGGATGTGGAAATAGGGACCTATTCCTT 196503

Qy   4201 TGGTTGCAGTTAACAAGGCTGGGGGATTTTTCCAGAGTGTCACAACACCCTGCAGTGCATCCTG 4260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196504 TGGTTGCAGTTAACAAGGCTGGGGGATTTTTCCAGAGTGTCACAACACCCTGCAGTGCATCCTG 196563

Qy   4261 GGCTGTGAAATGCAAGAAGACAACAGTCAAGAGGCTACTGGAAGTACGGGTATGGATGGG 4320
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196564 GGCTGTGAAATGCAAGAAGACAACAGTCAAGAGGCTACTGGAAGTACGGGTATGGATGGG 196623

Qy   4321 CAGGACCACCTTGAATTCTGCCCTGACACACTGGAGAGCAGCAGAACCCAGGGCC 4380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196624 CAGGACCACCTTGAATTCTGCCCTGACACACTGGAGAGCAGCAGAACCCAGGGCC 196683

Qy   4381 TGGCCCACCAAGCTGGAGTGGGAAGAGCAACAAGATTCGGGCACAGGGGCCTAC 4440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196684 TGGCCCACCAAGCTGGAGTGGGAAGAGCAACAAGATTCGGGCACAGGGGCCTAC 196743

Qy   4441 CTGGAGAGGGACTGCCCTGCCCTGCCACAGCGTGGGCAGTTGCTGCGAGTTGTTTTTTG 4500
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196744 CTGGAGAGGGACTGCCCTGCCCTGCCACAGCGTGGGCAGTTGCTGCGAGTTGTTTTTG 196803

Qy   4501 GACCAACAAGGTATGGTGGAAAACACTTCTGCCCCTATACTCTAGTGGCAGACTGGAGG 4560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196804 GACCAACAAGGTATGGTGGAAAACACTTCTGCCCCTATACTCTAGTGGCAGACTGGAGG 196863

Qy   4561 AGGTTGCAGGGCACGGAATCCCTGTTGGAGTTTCAGAGTGGCTGAGGCGTGTGCCCTC 4620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196864 AGGTTGCAGGGCACGGAATCCCTGTTGGAGTTTCAGAGTGGCTGAGGCGTGTGCCCTC 196923

Qy   4621 TCCAAATTCTGGAAGGGACTTTCTCAATCCTAGAGTCTCTATAATTGACAGATGTA 4680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196924 TCCAAATTCTGGAAGGGACTTTCTCAATCCTAGAGTCTCTATAATTGAGATGTA 196983

Qy   4681 TGAGACAGCCACAAGTCATGGGTTTAATTTCTTTCTTTTCTTTTCTCAAAGGGAA 4740
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196984 TGAGACAGCCACAAGTCATGGGTTTAATTTCTTTCTTTTCTTTTCTCAAAGGGAA 197043

Qy   4741 GTGTCTATGGCCTTGCTTTTATTTTAACCAATAATCTTTTGTATATTTTGTATATTTTATACCTGTTAA 4800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197044 GTGTCTATGGCCTTGCTTTTATTTTAACCAATAATCTTTTGTATATTTTGTATATTTTATACCTGTTAA 197103

Qy   4801 AAATTCAGAAATGTCAAGGCCCGGGTTGCTCAAGGCCCGGGTTGCTCAAGTCCCAGCACTTTGGG 4860
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197104 AAATTCAGAAATGTCAAGGCCCGGGTTGCTCAAGGCCCGGGTTGCTCAAGTCCCAGCACTTTGGG 197163

Qy   4861 AGGCCGAGGCGGGCGGTGCTCGACAAGGTCAGGAGTTTGAGACCAACATGGTGAA 4920
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197164 AGGCCCAGGCGGGCGGTGCTCGACAAGGTCAGGAGTTTGAGACCAACATGGTGAA 197223
```

```
Qy    4921 ACCCGTCTCTAAAAAAATTAGCTGGTCACAGTCATGCGCACCTGTAGTCCCA      4980
           ||||||||||||||||||      ||||||| ||||||||||||||||||||||
Db  197224 ACCCGTCTCTAAAAAAATACAAAAATTAGCTGCACAGTCATGCGCACCTGTAGTCCCA 197283

Qy    4981 GCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGAGCATCGCTTGAACCTGGGAAGGCCGAAGTTGCACTGA 5040
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  197284 GCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGAGCATCGCTTGAACCTGGGAAGGCCGAAGTTGCACTGA 197343

Qy    5041 GCCAGAGATCGCGCCACTGCACTCCAGCCTGGGCGACAGAGTGAGACTCCATCTTAAAAAA 5100
           ||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  197344 GCCAGATCGCGCCACTGCACTCCAGCCTGGGCGACAGAGTGAGACTCCATCTTAAAAAA   197403

Qy    5101 AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAATTCAGACAATCTCAGCTATCATATGAATACCAGGACAAA 5160
           |||||||||||||||||     |||||||||||||  |||||||||||||||||||||||||||||
Db  197404 AAAAAAAAAAAAAAAAAGAGAGAATTCAGACAATCAGCTATCATATGAATACCAGGACAAA 197463

Qy    5161 ATATCAAGTGAGGCCACTTATCGAGTAGAGAATCCTTAGGTTAAAAGTTTCTTTCAT     5220
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  197464 ATATCAAGTGAGGCCACTTATCGAGTAGAGAATCCTTAGGTTAAAAGTTTCTTTCAT     197523

Qy    5221 AGAACATAGCAATAATCACTGAGTACCTATCTTACAAGTCGCCTTCTTATAAACAATGC   5280
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  197524 AGAACATAGCAATAATCACTGAGTACCTATCTTACAAGTCGCCTTCTTATAAACAATGC   197583

Qy    5281 CTCCTAGGTTGACCCCAGGTGAAACTGAAACTCTGTATTCAATCATTTCAATGCACATAA 5340
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  197584 CTCCTAGGTTGACCCCAGGTGAAACTGAAACTCTGTATTCAATCATTTCAATGCACATAA 197643

Qy    5341 AGGGCAATTTTATCTATCAGAACAAAGAACACATGGTAACAGAATAATGTATATTTACATGTG 5400
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  197644 AGGGCAATTTTATCTATCAGAACAAAGAACACATGGTAACAGAATAATGTATATTTACATGTG 197703

Qy    5401 AGGAGAACAAGCTGATCTGACTCCTCCAGTGACACTGTTGTTCCAAGTCCAATCTTAGG   5460
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  197704 AGGAGAACAAGCTGATCTGACTCCTCCAGTGACACTGTTGTTCCAAGTCCAATCTTAGG   197763

Qy    5461 ACACAAAATGGTGTCTCTCCTGTAGCTTGTTGTTTTCTGAAAAGGGTATTTCCTTCCTCC 5520
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  197764 ACACAAAATGGTGTCTCTCCTGTAGCTTGTTGTTTTCTGAAAAGGGTATTTCCTTCCTCC 197823

Qy    5521 AACCTATAGAGGAAGTGAAAGTGAAAGTTCCAGTCCTCCTGGCAAGGGTAAACAGATCCCCCTCTC 5580
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  197824 AACCTATAGAGGAAGTGAAAGTGAAAGTTCCAGTCTCCTGGCAAGGGTAAACAGATCCCCCTCTC 197883

Qy    5581 CTCATCCTTCCTCTTCCTTTGGTCAAGTGCCTCCTGTGAAGGTGACACATCATGTGACC 5640
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  197884 CTCATCCTTCCTCTTCCTTTGGTCAAGTGCCTCCTGTGAAGGTGACACATCATGTGACC 197943

Qy    5641 TCTTCAGTGACCACTCACGGTGTCGGCCTGTACCCCAGAACTACTACCCCCAGAACATCACCATG 5700
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  197944 TCTTCAGTGACCACTCACGGTGTCGGCCTGTACCCCAGAACTACTACCCCCAGAACATCACCATG 198003

Qy    5701 AAGTGGCTGAAGGATGAAGGCAGCAGCAGGAGCTGAGACGTATTG               5760
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  198004 AAGTGGCTGAAGGATGAAGGCAGCAGCAGGAGCTGAGACGTATTG               198063

Qy    5761 CCCAATGGGATGGGACCTACCAGGCTGGACTGGGTGTACCCCCTGGGGAAGAG       5820
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  198064 CCCAATGGGATGGGACCTACCAGGCTGGACTGGGTGTACCCCCTGGGGAAGAG       198123

Qy    5821 CAGAGATATACGTGGCAGTGAGAGCCAGGTGGAGGTGGAGGTGAGGATCTG         5880
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  198124 CAGAGATATACGTGGCAGTGAGAGCCAGGTGGAGGTGGAGGTGAGGATCTG         198183

Qy    5881 GGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGCTGAGGGTTGGGGTTGAGGAGGAGTGCC      5940
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  198184 GGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGCTGAGGGTTGGGGTTGAGGAGGAGTGCC      198243

Qy    5941 TGAGGAGGTAATTATGGCAGTGAGATGAGGATGAGGAAAATAAGGAAGAAGAGGCCAAGATGGTGCCT 6000
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  198244 TGAGGAGGTAATTATGGCAGTGAGATGAGGATGAGGAAAATAAGGAAGAAGAGGCCAAGATGGTGCCT 198303

Qy    6001 GTGGCAATCAAAGGCTTTAACTGCTTTTTCTGTTTTAGAGCCCTCGCCACCC        6060
           ||||||||||||||||||||||||        |||||||||||||||||||||
Db  198304 GTGGCAATCAAAGGCTTTAACTTGCTTTTTCGTGTTTTCGTTCATTGGAATTT       198363

Qy    6061 TAGTCATTGGAGTCATCAGTGAATTGCTGTTTTTCGTCGTCTGTTCATTGGAATTT     6120
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  198364 TAGTCATTGGAGTCATCAGTGAATTGCTGTTTTTCGTCGTCTGTTCATTGGAATTT     198423

Qy    6121 TGTTCATAATATTAAGGAGAGGCAGGGTTCAGTGAGTAGGAACAAGGGGAAGTCTCT    6180
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  198424 TGTTCATAATATTAAGGAGAGGCAGGGTTCAGTGAGTAGGAACAAGGGGAAGTCTCT    198483

Qy    6181 TAGTACCTCTGCCCCAGGGCACAGTGGGAAGAGGGCAGAGGGGATCTGGCATCCATGGG  6240
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  198484 TAGTACCTCTGCCCCAGGGCACAGTGGGAAGAGGGCAGAGGGGATCTGGCATCCATGGG  198543

Qy    6241 AAGCATTTTCATTTATATTCTTTAGGTTAAAAATTTCTTTCAT                 6300
           ||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||
Db  198544 AAGCATTTTCATTTATATTCTTTAGGTTAAAAAATTTCTTTCAT                198603

Qy    6301 AATGGTTCTCCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCAACAAACATCTTCAGAGCACCTACTAT 6360
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  198604 AATGGTTCTCCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCAACAAACATCTTCAGAGCACCTACTAT 198663

Qy    6361 TTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTAGTACAGGGCTTTGAGGTTGAGAAGTCACTGTGCTAT   6420
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  198664 TTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTAGTACAGGGCTTTGAGGTTGAGAAGTCACTGTGCTAT   198723

Qy    6421 TCTCAGAACCCAAATCTGGTAGGGAATGAAATTGATAGCAAGTAAATGTAGTTAAAGAAG 6480
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  198724 TCTCAGAACCCAAATCTGGTAGGGAATGAAATTGATAGCAAGTAAATGTAGTTAAAGAAG 198783

Qy    6481 ACCCCATGAGGTCCTAAAGCAGGCAGGAAGCAAATGCTTAGGGTGTCAAAGGAAAGAATG 6540
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  198784 ACCCCATGAGGTCCTAAAGCAGGCAGGAAGCAAATGCTTAGGGTGTCAAAGGAAAGAATG 198843

Qy    6541 ATCACATTCAGCTGGGGATCAAGATAGCCTTCTGGATCTTGAAGGAAGCTGGATTCCA   6600
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  198844 ATCACATTCAGCTGGGGATCAAGATAGCCTTCTGGATCTTGAAGGAAGCTGGATTCCA   198903

Qy    6601 TTAGGTGAGGTTGAAGATGATGGGAGATTAGGAAATAATTACTGTACCTTAACCCTCTC  6660
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  198904 TTAGGTGAGGTTGAAGATGATGGGAGATTAGGAAATAATTACTGTACCTTAACCCTCTC  198963

Qy    6661 GAGTATAAGGCATACTGGGAGGATTAGGAGATTAGAAATAATTACTGTACCCTTAACCCGAGTTTGGCGT 6720
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  198964 GAGTATAAGGCATACTGGGAGGATTAGGAGATTAGAAATAATTACTGTACCCTTAACCCGAGTTTGGCGT 199023

Qy    6721 AGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCTGAAACATCTGTGGTGTGGGAAAAGA       6780
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  199024 AGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCTGAAACATCTGTGGTGTGGGAAAAGA       199083

Qy    6781 GAATCAGAAAGCCAGCTCATCACAGAGTCCAAGGGTCTTTGGGATATTGGGTTATGA    6840
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  199084 GAATCAGAAAGCCAGCTCATCACAGAGTCCAAGGGTCTTTGGGATATTGGGTTATGA    199143

Qy    6841 TCACTGGGGTGTCATTGAAGAGTTAAGAAGTTAGATGAGGTGAGGACCACCAGTTAGAAGCCAATAAGCAT 6900
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  199144 TCACTGGGGTGTCATTGAAGAGTTAAGAAGTTAGATGAGGTGAGGACCACCAGTTAGAAGCCAATAAGCAT 199203

Qy    6901 AATGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGGTGAGGACCACCAGTTAGAAGCCAATAAGCAT   6960
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  199204 AATGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGGTGAGGACCACCAGTTAGAAGCCAATAAGCAT   199263

Qy    6961 TTCCAGATGAGAGATAATGGTTCTTGAAATCCAATAGTGCCCAGGTCTAAATTGAGATGG 7020
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  199264 TTCCAGATGAGAGATAATGGTTCTTGAAATCCAATAGTGCCCAGGTCTAAATTGAGATGG 199323

Qy    7021 GTGAATGAGGAAAATAAGGAAGAAGAGGCCAAGATGGTGCCTAGTTTGTGATGCCT     7080
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  199324 GTGAATGAGGAAAATAAGGAAGAAGAGGCCAAGATGGTGCCTAGTTTGTGATGCCT     199383

Qy    7081 CTTTCCTGGGTCTGGGTCTCTGTCTCCACAGGGCACTACGTCTTAGCTGAACG       7140
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db  199384  CTTTCCTGGGTCTCTTGTCTCCCAGGAGGAGCCATGGGCACTACGTCTTAGCTGAACG  199443

Qy    7141  TGAGTGACACGCAGCCTGCAGCGACTCACTGTGGGAAGGAGACAAAACTAGAGACTCAAAGA    7200
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  199444  TGAGTGACACGCAGCCTGCAGCGACTCACTGTGGGAAGGAGACAAAACTAGAGACTCAAAGA  199503

Qy    7201  GGGAGTGCATTATGAGCTCTTCATGTTTCAGGAGGAGTTGAACCTAAACATAGAAATT    7260
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  199504  GGGAGTGCATTATGAGCTCTTCATGTTTCAGGAGGAGTTGAACCTAAACATAGAAATT  199563

Qy    7261  GCCTGACGAACTCCTGATTTAGCCTTCTCTGTTCATTTCCTCAAAAAGATTTCCCCAT    7320
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  199564  GCCTGACGAACTCCTGATTTAGCCTTCTCTGTTCATTTCCTCAAAAAGATTTCCCCAT  199623

Qy    7321  TTAGGTTTCTGAGTTCCTGCGTGATCCGGTGATCCCTAGCTGTGACCTCTCCCCTGGAACTG    7380
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  199624  TTAGGTTTCTGAGTTCCTGCGTGATCCGGTGATCCCTAGCTGTGACCTCTCCCCTGGAACTG  199683

Qy    7381  TCTCTTCATGAAGCTTCAAGCTGCATCTAGAGGCTTCCTTCATTTCCTCCGTCACCTCAGAG    7440
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  199684  TCTCTCATGAAGCTTCAAGCTGCATCTAGAGGCTTCCTTCATTTCCGTCACCTCAGAG  199743

Qy    7441  ACATACACCTATGTCATTTCATTTCCTATTTTTGGAAGAGGACTTCCTTAAATTTGGGGGA    7500
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  199744  ACATACACCTATGTCATTTCATTTCCTATTTTTGGAAGAGGACTTCCTTAAATTTGGGGGA  199803

Qy    7501  CTTACATGATTCATTTAACATCTGAGAAAAGCTTGAACCTGGGACGTGGCTAGTCAT    7560
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  199804  CTTACATGATTCATTTAACATCTGAGAAAAGCTTGAACCTGGGACGTGGCTAGTCAT  199863

Qy    7561  AACCTTACCAGATTTTTACACATGTATCTATGCATTTCTGGACCCGTTCAACTTTTCCT    7620
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  199864  AACCTTACCAGATTTTTACACATGTATCTATGCATTTCTGGACCCGTTCAACTTTTCCT  199923

Qy    7621  TTGAATCCCTCTCTCTGTGTTACCCAGTAACTCATCTGTCACCAGCCTTGGGATTCTTC    7680
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  199924  TTGAATCCCTCTCTCTGTGTTACCCAGTAACTCATCTGTCACCAGCCTTGGGATTCTTC  199983

Qy    7681  CATCTGATTGTGATGTGAGTGCACAGCTATGAAGGCTGTACACTGTACACTGGAAGAG    7740
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  199984  CATCTGATTGTGATGTGAGTGCACAGCTATGAAGGCTGTACACTGTACACTGGAAGAG  200043

Qy    7741  GCAACTGTCCCAGAAAAAGCATCATGGCTATCTGTGGGTAGTATGATGGGTGTTTTTAGC    7800
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  200044  GCACCTGTCCCAGAAAAAGCATCATGGCTATCTGTGGGTAGTATGATGGGTGTTTTTAGC  200103

Qy    7801  AGGTAGGAGGCAAAATATCTTGAAAGGGTTGTGAAAGAGTGTTTTTCTAATTGGCATGA    7860
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  200104  AGGTAGGAGGCAAAATATCTTGAAAGGGTTGTGAAAGAGTGTTTTTCTAATTGGCATGA  200163

Qy    7861  AGGTGTCATACAGATTTGCAAAGTTGCAAAGTTTAATGTGCCTTCATTGGATGCTACTCTAGTAT    7920
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  200164  AGGTGTCATACAGATTTGCAAAGTTTGCAAAGTTTAATGTGCCTTCATTGGATGCTACTCTAGTAT  200223

Qy    7921  TCCAGACCTGAAGAATCACAATAATTTTCTACCTGGTCTCTCCTGTTCTGATAATGAAA    7980
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  200224  TCCAGACCTGAAGAATCACAATAATTTTCTACCTGGTCTCTCCTGTTCTGATAATGAAA  200283

Qy    7981  ATTATGATAAGGATGATAAAAGCACTTACTTCGTCGTCCGACTACTTCGTCCGAGCACCTACTTA    8040
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  200284  ATTATGATAAGGATGATAAAAGCACTTACTTCGTCGTCCGACTACTTCGTCCGAGCACCTACTTA  200343

Qy    8041  CATGCATTACTGCCATGCATGCTGCATGCATGCTTCTACAATAATTCTATGAGATAGTACTATTATCCCCAT    8100
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  200344  CATGCATTACTGCCATGCATGCTTCTACAATAATTCTATGAGATAGTACTATTATCCCCAT  200403

Qy    8101  TTCTTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGTGATCGGGTCGGGTGGATCACGAGCTCACGAGGTCAGAGATCGGC    8160
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  200404  TTCTTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGTGATCGGGTCGGGTGGATCACGAGCTCACGAGGTCAGAGATCGGC  200463

Qy    8161  AGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGGTGGATCACGAGGTCGGGTGGATCACGAGGTCGGGTCGGGTCAGAGATCGGC    8220
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  200464  AGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGGTGGATCACGAGGTCGGGTCAGAGGATCAGGAGATCGGC  200523
```

```
Qy    8221  TAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGTGGCAG    8280
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  200524  TAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGTGGCAG  200583

Qy    8281  ACGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGAAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCGTGAACCCAGGAGAG    8340
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  200584  ACGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGAAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCGTGAACCCAGGAGG  200643

Qy    8341  CAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTTGCGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGACAGAGTGAGA    8400
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  200644  CAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTTGCGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGACAGAGTGAGA  200703

Qy    8401  CTCCATCTCAAAAAATAAAAATAAAAAATGAAAAAAAAGAAAGTGAAGTA    8460
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  200704  CTCCATCTCAAAAAATAAAAATAAAAAATGAAAAAAAAGAAAAGTGAAGTA  200763

Qy    8461  TAGAGTATCTCATAGTTTGTCAGTGATAGAAACAGGTTTCAAACTCAGTCAATCTGACCG    8520
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  200764  TAGAGTATCTCATAGTTTGTCAGTGATAGAAACAGGTTTCAAACTCAGTCAATCTGACCG  200823

Qy    8521  TTTGATACATCTCAGACACCACTACATTCAGTAGTTTAGATGCCTAGAATAAATAGAGAA    8580
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  200824  TTTGATACATCTCAGACACCACTACATTCAGTAGTTTAGATGCCTAGAATAAATAGAGAA  200883

Qy    8581  GGAAGGAGGATGGCTCTTCTTCTGTTCCTTCTGAGTGAGCTTGAATCACAT    8640
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  200884  GGAAGGAGGATGGCTCTTCTTCTGTTCCTTCTGAGTGAGCTTGAATCACAT  200943

Qy    8641  GAAGGGGAACAGCAGAAAACAACCAACTGATCCTCAGCGTGTCATGTTTCCTTCTTCTTTAAAAGTC    8700
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  200944  GAAGGGGAACAGCAGAAAACAACCAACTGATCCTCAGCGTGTCATGTTTCCTTCTTCTTTAAAAGTC  201003

Qy    8701  CCTGAAGAAGGTCCTGGAATGTGACTCCCTCTGCTCCTCGTTGCTGCTTGGCATTCA    8760
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  201004  CCTGAAGAAGGTCCTGGAATGTGACTCCCTCTGCTCCTCGTTGCTGCTTGGCATTCA  201063

Qy    8761  TTTCTTTTGGACCCTACGCAAGGACTAAGCTCTCATTTTGAGATGTGGTGGGGACAGCGTAGTGCCCGCTGCTGGGC    8820
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  201064  TTTCTTTTGGACCCTACGCAAGGACTCTCATTTTGAGATGTGGTGGGGACAGCGTAGTGCCCGCTGCTGGGC  201123

Qy    8821  TTCACACACGGTGTCCTCCTCCTAGGCCAGTGCCGTGCCGTCAGAACTCTGGTGCGTATTTC    8880
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  201124  TTCACACACGGTGTCCTCCTCCTAGGCCAGTGCCGTGCCGTCAGAACTCTGGTGCGTATTTC  201183

Qy    8881  CCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCTCATTTGAAGATGGTATAATGGAAGCCACCAAGTG    8940
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  201184  CCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCTCATTTGAAGATGGTATAATGGAAGCCACCAAGTG  201243

Qy    8941  GCTTAGAGGATGGCCCAGGTTCCGGTTCCGGTTCCGGTTCGCACTGCACATTAAAAAA    9000
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  201244  GCTTAGAGGATGGCCCAGGTTCCGGTTCCGGTTCGCACTGCACATTAAAAAA  201303

Qy    9001  AAAATCTAACCAGGACATTCAGGAGAATTGCTAGATTCTGCCAAATCAGTTCACCATGTTCA    9060
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  201304  AAAATCTAACCAGGACATTCAGGAGAATTGCTAGATTCTGCCAAATCAGTTCACCATGTTCA  201363

Qy    9061  AAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTTTTTGAGACTCTATTGCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCATGAT    9120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  201364  AAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTTTTGAGACTCTATTGCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCATGAT  201423

Qy    9121  CTCGGCTCACTGTAACCTCTGCCTCCCAGGTTCAAGCGATTCTCCTGTCTCAGCCTCCCA    9180
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  201424  CTCGGCTCACTGTAACCTCTGCCTCCCAGGTTCAAGCGATTCTCCTGTCTCAGCCTCCCA  201483

Qy    9181  AGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCATGCCCGGCTAATTTTTGTATTTTTAGTAGA    9240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  201484  AGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCATGCCCGGCTAATTTTTGTATTTTTAGTAGA  201543

Qy    9241  GACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCCTGACCTCGTGATCCGCC    9300
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  201544  GACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCCTGACCTCGTGATCCGCC  201603
```

```
Qy    9301 TGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGTGTGAGCCACCTGCCCAGCCGTCAAA 9360
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  201604 TGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGTGTGAGCCACCTGCCCAGCCGTCAAA 201663

Qy    9361 AGAGTCTTAATATATATATCCAGATGGCATGGTTACTTATGTTACTACATGCACTTG 9420
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  201664 AGAGTCTTAATATATATATCCAGATGGCATGGTTACTTATGTTACTACATGCACTTG 201723

Qy    9421 GCTGCATAAAGTGTGTACAAGCATTCTGTCTTGAGAGGGCAGGTGCTTCAGGATACCATAT 9480
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  201724 GCTGCATAAAGTGTGTACAAGCATTCTGTCTTGAGAGGGCAGGTGCTTCAGGATACCATAT 201783

Qy    9481 ACAGCTCAGAAGTTTCTTCTTTAGGCATTAAAATTTAGCCAAAGATAATCTCATCTCTTCTT 9540
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  201784 ACAGCTCAGAAGTTTCTTCTTTAGGCATTAAAATTTAGCCAAAGATAATCTCATCTCTTCTT 201843

Qy    9541 TTAAACCATTTTCTTCTTTTTTGTGGTTAGAAAAGTATGTGAGAAAAAAGTAAATGTGATTT 9600
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  201844 TTAAACCATTTTCTTCTTTTTTGTGGTTAGAAAAGTATGTGAGAAAAAAGTAAATGTGATTT 201903

Qy    9601 ACGCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAAATGAATACAATTAAAGCTGTTATTTAATTAGCCAG 9660
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  201904 ACGCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAAATGAATACAATTAAAGCTGTTATTTAATTAGCCAG 201963

Qy    9661 TGAAAAACTATTAACAACTTGTCTATTACCTGTTAGTATTATTGTTGCATTAAAAAATGCA 9720
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  201964 TGAAAAACTATTAACAACTTGTCTATTACCTGTTAGTATTATTGTTGCATTAAAAAATGCA 202023

Qy    9721 TATACTTTAATAAATGTATATATATGTATTGTATACTGCATGATTTTATTGAAGTCTTGTTC 9780
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  202024 TATACTTTAATAAATGTATATATATGTATTGTATACTGCATGATTTTATTGAAGTCTTGTTC 202083

Qy    9781 ATCTTGTGTATATACTTAATCGCTTGTCATTTGTCATTTGGAGACATTTATTTTGCTTCTAATTT 9840
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  202084 ATCTTGTGTATATACTTAATCGCTTGTCATTTGTCATTTGGAGACATTTATTTTGCTTCTAATTT 202143

Qy    9841 CTTTACATTTGTCTTACGGAATATTTTCATTCAACTGTGGTAGCCGAATTAATCGTGTT 9900
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  202144 CTTTACATTTGTCTTACGGAATATTTTCATTCAACTGTGGTAGCCGAATTAATCGTGTT 202203

Qy    9901 TCTTCACTCTAGGGACATGTCGTCTCTAAGTGTAAGACATTGGTTATTTTACCAGCAAAC 9960
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  202204 TCTTCACTCTAGGGACATGTCGTCTCTAAGTGTAAGACATTGGTTATTTTACCAGCAAAC 202263

Qy    9961 CATTCTGAAAGCATATGACAAATTATTTCTCTCTTAATATCTTACTATACTGAAAGCAGA 10020
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  202264 CATTCTGAAAGCATATGACAAATTATTTCTCTCTTAATATCTTACTATACTGAAAGCAGA 202323

Qy   10021 CTGCTATAAGGCTTCACTTACTTCTCTCTACCTCATAAGGAATATGTTACCAATTAATTTATT 10080
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  202324 CTGCTATAAGGCTTCACTTACTTCTCTCTACCTCATAAGGAATATGTTACCAATTAATTTATT 202383

Qy   10081 AGGTAAGCATTGTTTTATATGGTTTTATTATTGTTTATTCCACCTGGCTGAGATTTCAAGAAACACC 10140
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  202384 AGGTAAGCATTGTTTTATATGGTTTTATTATTGTTTATTCCACCTGGCTGAGATTTCAAGAAACACC 202443

Qy   10141 CCAGTCTTCACAGTAACACATTTACTAACACATTACTAACACATGTGGCCT 10200
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  202444 CCAGTCTTCACAGTAACACATTTACTAACACATTACTAACACATGTGGCCT 202503

Qy   10201 GTTAATTTTTTAATAGAAATTTAAGTCCTACATTTCTTCTTCCGTGTTTTTAAGCTTAA 10260
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  202504 GTTAATTTTTTAATAGAAATTTAAGTCCTACATTTCTTCTTCCGTGTTTTTAAGCTTAA 202563

Qy   10261 TTTTTCTGGCTTTATTCATAAATCTTAAGGTCAACTACATTTGAAAAATCAAAGACCTG 10320
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  202564 TTTTTCTGGCTTTATTCATAAATCTTAAGGTCAACTACATTTGAAAAATCAAAGACCTG 202623

Qy   10321 CATTTAAATTCTTATTCACCTCTGGCAAAACCATTCACAAACCATGGTAGTAAAGAGAA 10380
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  202624 CATTTAAATTCTTATTCACCTCTGGCAAAACCATTCACAAACCATGGTAGTAAAGAGAA 202683

Qy   10381 GGGTGCACCTGGTGCCCATAGGTAAAATGTACCACGGTGGTCCGGTGACCAGAGATGCAG 10440
Db  202684 GGGTGACACCTGGTGGCCATAGGTAAATGTACCACGGTGGTCCGGTGACCAGAGATGCAG 202743

Qy   10441 CGCTGAGGGTTTCCTGAAGGTAAAGGAATAAAGAACTACTTACCAG 10500
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  202744 CGCTGAGGGTTTCCTGAAGGTAAAGGAATAAAGAACTACTTACCAG 202803

Qy   10501 ATCACTTGTAGAGAAAAGCCCCTGAAAATTTGAGAAAACAAACAAGAAACACTTACCAG 10560
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  202804 ATCACTTGTAGAGAAAAGCCCCTGAAAATTTGAGAAAACAAACAAGAAACACTTACCAG 202863

Qy   10561 CTATTTGAATTGCTGGAATCACAGGCCATTGCTGAGCTGCTGAGCTGCTGGAACACACAG 10620
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  202864 CTATTTGAATTGCTGGAATCACAGGCCATTGCTGAGCTGCTGAGCTGCTGGAACACACAG 202923

Qy   10621 AAGGAAAACAAACCACTCTGATAATCATTGAGTCAAGTACAGCAGGTGATTGGAGGACTGC 10680
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  202924 AAGGAAAACAAACCACTCTGATAATCATTGAGTCAAGTACAGCAGGTGATTGGAGGACTGC 202983

Qy   10681 TGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTTATGTGTATTATAATAATGTCATCTTATAATACTGT 10740
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  202984 TGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTTATGTGTATTATAATAATGTCATCTTATAATACTGT 203043

Qy   10741 CAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTCACACACATTTAAAAACAAAACACTGTCTC 10800
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  203044 CAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTCACACACATTTAAAAACAAAACACTGTCTC 203103

Qy   10801 TAAAATCCCAAATTTTCATAAAC 10825
           |||||||||||||||||||||||
Db  203104 TAAAATCCCAAATTTTCATAAAC 203128
```

```
/codon_start=1
/protein_id="CAB07442.1"
/db_xref="GI:1890180"
/db_xref="SWISS-PROT:O30201"
/translation="MGPRARPALLLLMLLQTAVLQGRLLRSHSLHYLFMGASEQDLGL
SLFEALGYVDDQLFVFYDHESRRVEPRTPWVSSRISSQMWLQLSQSLKGWDHMFTVDF
WTIMENHNHSKESHTLQVILGEMQEDNSTEGYWKYGYDGQDHLEFCPDTLDWRAAEP
RAWPTKLEWERHKIRARQNRAYLERDCPAQLQQLLELGRGVLDQQVPPLVKVTHHVTS
SVTTLRCRALNYYPQNITMKWLKDKQPMDAKEFEPKDVLPNGDGTYQGWITLAVPPGE
EQRYTCQVEHPGLDQPLIVIWEPSPSGTLVIGVISGIAVFVVLFIGILFIILRKRQG
SRGAMGHYVLAERE"

intron          1325..4651
                /gene="HFE"
                /number=1
repeat_unit     3494..3735
                /gene="HFE"
                /rpt_family="Alu"
repeat_unit     3973..4283
                /gene="HFE"
                /rpt_family="Alu"
exon            4652..4915
                /gene="HFE"
                /number=2
intron          4916..5124
                /gene="HFE"
                /number=2
exon            5125..5400
                /gene="HFE"
                /number=3
intron          5401..6493
                /gene="HFE"
                /number=3
repeat_unit     5707..6005
                /gene="HFE"
                /rpt_family="Alu"
exon            6494..6769
                /gene="HFE"
                /number=4
intron          6770..6927
                /gene="HFE"
                /number=4
exon            6928..7041
                /gene="HFE"
                /number=5
intron          7042..7994
                /gene="HFE"
                /number=5
repeat_unit     7995..9050
                /gene="HFE"
                /rpt_family="Alu"
exon            9051..10205
                /gene="HFE"
                /number=6
repeat_unit     9957..10239
                /gene="HFE"
                /rpt_family="Alu"
exon            10206..10637
                /gene="HFE"
                /number=6
polyA_signal    10617..10622
                /gene="HFE"
                /number=7
BASE COUNT      3383 a    2474 c    2911 g    3378 t
ORIGIN
```

```
Db   889  TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTAAATGTATGATTGAATTTGAAAATCATAAATATTTA   948
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy    61  AATATCTAAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTCCCCAATCAACAACACCCCT  120
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   949  AATATCTAAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTCCCCAATCAACAACACCCCT 1008
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy   121  TCAGGATTTAAAACCAAGGGACACTGGACACTGATCACCTAGTGTTCACAAGCAGGTACCTT  180
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1009  TCAGGATTTAAAACCAAGGGACACTGGACACTGATCACCTAGTGTTCACAAGCAGGTACCTT 1068
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy   181  CTGCTGTAGGAGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCGTGTTGCTTTCACCAGGAAGTT  240
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1069  CTGCTGTAGGAGAGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTTGCTTTCACCAGGAAGTT 1128
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy   241  TTACTGGGCATCTCCTGAGCCTAGGCAATAGCTGTAGGGTGACTTCTGGAGCCATCCCCG  300
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1129  TTACTGGGCATCTCCTGAGCCTAGGCAATAGCTGTAGGGTGACTTCTGGAGCCATCCCCG 1188
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy   301  TTTCCCCGCCCCCAAAAGAAGCGGAGATTAACGGGGACGTGCGGCCAGAGCTGGGGAA  360
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1189  TTTCCCCGCCCCCAAAAGAAGCGGAGATTAACGGGGACGTGCGGCCAGAGCTGGGGAA 1248
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy   361  ATGGGCCCGCGAGCCAGGCCGGCGCCTTCTCCCTGATGCTTTTGCGAACCGCGGTCCTG  420
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1249  ATGGGCCCGCGAGCCAGGCCGGCGCCTTCTCTCCCTGATGCTTTTGCGAACCGCGGTCCTG 1308
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy   421  CAGGGGCCGCTTGCTGCGTGAGTCCGAGGGCTCGGGGCGAACTAGGGGCGCGCGGGGGTG  480
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1309  CAGGGGCCGCTTGCTGCGTGAGTCCGAGGGCTCGGGGCGAACTAGGGGCGCGCGGGGGTG 1368
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy   481  GAAAAATCGAAACTAGCTTTTCTTTGCGCTTGGGAGTTTGCTAACTTTGGAGGACCTGC  540
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1369  GAAAAATCGAAACTAGCTTTTCTTTGCGCTTGGGAGTTTGCTAACTTTGGAGGACCTGC 1428
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy   541  TCAACCCTATCCGCAAGCCCCTCCCACTTTCTCGCTCCAGACCCTGAGGGAGTGC  600
           | |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1429  TCAACCCAATCCGCAAGCCCCTCCCACTTTCTCGCTCCAGACCCCGTGAGGGAGTGC 1488
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy   601  CTACCACTGAACTGCAGATAGGGCGTCCCTGCCCCCTCCCCGGCTGT  660
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1489  CTACCACTGAACTGCAGATAGGGCGTCCCTGCCCCCTCCCCCGGCTGT 1548
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy   661  CCCGGCTCTGCGGAGTGACTTTTGGAACCGCCGCCACTCCCTTCCCCCAACTAGAATGCTTT  720
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1549  CCCGGCTCTGCGGAGTGACTTTTGGAACCGCCGCCACTCCCTTCCCCCAACTAGAATGCTTT 1608
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy   721  TAAATAAATCTCGTAGTTCCTCACTTGAGCTGAGCTCCTGAACCTGG  780
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1609  TAAATAAATCTCGTAGTTCCTCACTTGAGCTGAGCTCCTGAACCTGG 1668
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy   781  AACTCGGGTTTATTTCCAATGTCAGCTGTGCAGTTTTTCCCCAGTCATCTCCAAACAGG  840
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1669  AACTCGGGTTTATTTCCAATGTCAGCTGTGCAGTTTTTCCCCAGTCATCTCCAAACAGG 1728
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy   841  AAGTTCTTCCCTGAGTGCTTGCCGAGAAGGCTGAGCAAACCCACAGGATCCGCACGG  900
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1729  AAGTTCTTCCCTGAGTGCTTGCCGAGAAGGCTGAGCAAACCCACAGGATCCGCACGG 1788
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy   901  GGTTTCCACCTCAGAACGAATGCGTTGGGCGCGTGGGGCGCGAAAGAGTGGCGTTGGGGA  960
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1789  GGTTTCCACCTCAGAACGAATGCGTTGGGCGCGTGGGGCGCGAAAGAGTGGCGTTGGGGA 1848
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy   961  TCTGAATTCTTCACCATTCCACCCACTTTTGGTGAGACCTGGGGTGGAGGTCTCTAGGGT 1020
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1849  TCTGAATTCTTCACCATTCCACCCACTTTTGGTGAGACCTGGGGTGGAGGTCTCTAGGGT 1908
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  1021  GGGAGGGCTCCTGAGAGAGGCCTACCTCGGGCAATTGTTCTTTT 1080
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1909  GGGAGGGCTCCTGAGAGAGGCCTACCTCGGGCAATTGTTCTTTT 1968
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  1081  GCCTGAAAATTAAGTATATGTTAGTTTGAACGTTTGAACTGAACAATTCTCTTTTCGG 1140
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Query Match       99.4%;       Score 10760.2;      DB 93;      Length 12146;
Best Local Similarity   99.9%;      Pred. No. 0;
Matches 10813;    Conservative 0;    Mismatches 0;    Indels 8;    Gaps 4;

Qy    1  TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTAAATGTATGATTGAATTTGAAAATCATAAATATTTA  60
```

```
Db   2221 AATAAACAAGTAGTGCTGCTGGGGAGTAGTAGAGGCCAAGAAGAAGTAGGTAATTGGCTCAGAGAGGA 2280
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||
Db   3108 AATAAACAAGTAGTGCTGCTGGGGAGTAGTAGAGGCCAAGAAGAAGTAGGTAATTGGGCTCAGAGAGGA 3167

Qy   2281 GCCACAAACAAGGTTGTGCAGCGCGCCTGTAGGCTGTGGTGTGAATTCTAGCCAAGGAGTA 2340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3168 GCCACAAACAAGGTTGTGCAGCGCGCCTGTAGGCTGTGGTGTGAATTCTAGCCAAGGAGTA 3227

Qy   2341 ACAGTGATCTGTCACAGGCGTTTAAAAGATTGCTCTGGCTGCTATGTGGAAAAGCAGAATG 2400
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3228 ACAGTGATCTGTCACAGGCGTTTAAAAGATTGCTCTGGCTGCTATGTGGAAAAGCAGAATG 3287

Qy   2401 AAGGGAGCAACAGTAAAAGCAGGGAGCCCAGCAGAAAAAGGGAGTCGTTACACAGTCCAGGCAAG 2460
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3288 AAGGGAGCAACAGTAAAAGCAGGGAGCCCAGCAGAAAAAGGGAGTCGTTACACAGTCCAGGCAAG 3347

Qy   2461 AGGTAGTGGAGTGGTCTGGGTGGGAACAGAAAAAGGGAGTGACAAACCATTGTCTCCTGAA 2520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3348 AGGTAGTGGAGTGGTCTGGGTGGGAACAGAAAAAGGGAGTGACAAACCATTGTCTCCTGAA 3407

Qy   2521 TATATTCTGAAGGAAGTTGCTGAAGGATTCTATGTTGTGTGTGAGACGAGAAGAAGAATTGG 2580
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3408 TATATTCTGAAGGAAGTTGCTGAAGGATTCTATGTTGTGTGTGAGACGAGAAGAAGAATTGG 3467

Qy   2581 CTGGGTGTAGTAGCTGCTCATGCCAAGGAGGAGGCCAAGGAGATTCCTGAGCTCAGGA 2640
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3468 CTGGGTGTAGTAGCTGCTCATGCCAAGGAGGAGGCCAAGGAGCAGATTCCTGAGCTCAGGA 3527

Qy   2641 GTTCAAGAGCACCAGCCTGGGCATCTCATGTCTCCACTTCATAGC 2700
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3528 GTTCAAGAGACCAGCCTGGGCAACACAGCCAAAAACCCCTTCTCTCACAAAAATACAAAAATTA 3587

Qy   2701 GCTGGGTGTGTGGCATGGCACCTGTGATCCTAGCTACTCGGGAGGCTGAGGTGGAGGGTA 2760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3588 GCTGGGTGTGTGGCATGGCACCTGTGATCCTAGCTACTCGGGAGGCTGAGGTGGAGGGTA 3647

Qy   2761 TTGCTTGAGCCCAGGAGAGTTGAGGCTGCAGTGAGCCATGAGCCTGTCCACTGTACTTCAGC 2820
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3648 TTGCTTGAGCCCAGGAGGTTGAGGCTGCAGTGAGCCATGAGCCTGTGCCACTGTACTTCAGC 3707

Qy   2821 CTAGGTGACAGAGCAAGACCCTGTCTCCCCCTGACCCCCTAAAAGT 2880
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3708 CTAGGTGACAGAGCAAGACCCTGTCTCCCCCTGACCCCCTAAAAGAGAAGAGAGAGTTAAAGT 3767

Qy   2881 TGACTTTGTTCTTTATTTATTTATTTATTGGCCTGAGCAGTTGGGGTAATTGCAATGCCAT 2940
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3768 TGACTTTGTTCTTTATTTATTTTTATTTTTATTTATTGGCCTGAGCAGTTGGGGTAATTGCAATGCCAT 3827

Qy   2941 TTCTGAGATGTGAAGGCAGAGAGAGCCAGTTTGGGGTAAATCAAGGATCTGCATTTG 3000
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3828 TTCTGAGATGTGAAGGCAGAGAGAGCCAGTTTGGGGTAAATCAAGGATCTGCATTT- 3886

Qy   3001 GGACATGTTAAGTTTGAGATTCCAGTGCAAACTGAGTGGGCCTGGCAAG 3060
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3887 GGACATGTTAAGTTTGAGATTCCAGTGCAAACTGAGTGGGCCACATGGCCTGGCAAG 3946

Qy   3061 CAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGGCACGTGGCTCACTTGTAATCCCAGCACT 3120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3947 CAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCAGGGCACGTGGCTCACTTCTGTAATCCCAGCACT 4006

Qy   3121 TTGGTGGCTGAGGCAGGTAGATCATTTGAGGTTGAGGACAAGCTTGGCCAACA 3180
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4007 TTGGTGGCTGAGGCAGGTAGATCATTTGAGGTTGAGGACAAGCTTGGCCAACA 4066

Qy   3181 TGGTGAAACCCCATGTCTACTAAAAATACAAAAATTAGCCTGGTGGTGGTGCGCACGCCT 3240
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4067 TGGTGAAACCCCATGTCTACTAAAAATACAAAAATTAGCCTGGTGGTGGTGCGCACGCCT 4126

Qy   3241 ATAGTCCCAGTTTTCAGGAGGCTTAGGTAGGAGAATCCCTTGAACCCAGGAGGTGCAGG 3300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4127 ATAGTCCCAGTTTTCAGGAGGCTTAGGTAGGAGAATCCCTTGAACCCAGGAGGTGCAGG 4186
```

```
Db   1969 GCCTGGAAAATTAAGTATATGTTAGTTTGACGTTTGAACTGAACAATTCTCTTTTCGG 2028

Qy   1141 CTAGGCCTTATTGATTTGCAATGTGCTGTGTAATTAAGAGGCCTCTACAAAGTACTGA 1200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2029 CTAGGCCTTATTGATTTGCAATGTGCTGTGTAATTAAGAGGCCTCTACAAAGTACTGA 2088

Qy   1201 TAATGAACATGTAAGCAATGCACTCACTTCTAAGTTACATCGATCTTATTTGA 1260
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2089 TAATGAACATGTAAGCAATGCACTCACTTCTAAGTTACATCGATCTTATTTGA 2148

Qy   1261 TTTTCACTAGGCATAGGGAGGTAGGAGCTAATAATACGTTTATTTTACTAGAAGTTAACT 1320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2149 TTTTCACTAGGCATAGGGAGGTAGGAGCTAATAATACGTTTATTTTACTAGAAGTTAACT 2208

Qy   1321 GGAATTCAGATTATATAACTCTTTCAGGTTACAAAGAACATAAATAATCTGGTTTTCTG 1380
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2209 GGAATTCAGATTATATAACTCTTTCAGGTTACAAAGAACATAAATAATCTGGTTTTCTG 2268

Qy   1381 ATGTTATTTCAAGTACTACACAGCTGCTTCTAATCTTAGTTGACAGTGATTTTGCCCTGTAG 1440
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2269 ATGTTATTTCAAGTACTACACAGCTGCTTCTAATCTTAGTTGACAGTGATTTTGCCCTGTAG 2328

Qy   1441 TGTAGCACAGTGTTCTGTGGGTCACACGCCGCCTCAGCACAGCACTTTGAGTTTTGGTA 1500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2329 TGTAGCACAGTGTTCTGTGGGTCACACGCCGCCTCAGCACAGCACTTTGAGTTTTGGTA 2388

Qy   1501 CTACGTGTATCCACATTTTACACATGACAAGAATGAGGCACGGCCGCCTGCTTCCTGG 1560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2389 CTACGTGTATCCACATTTTACACATGACAAGAATGAGGCACGGCCGCCTGCTTCCTGG 2448

Qy   1561 CAAATTTATTCAATGTACACTGGGCTTTGGTGGCAGAGCTCATGTCTCCACTTCATAGC 1620
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2449 CAAATTTATTCAATGTACACGGGGCTTTGGTGGCAGAGCTCATGTCTCCACTTCATAGC 2508

Qy   1621 TATGATTCTTAAACATCACACTGCATTAGAGGTTGAATAATAAAATTTCATGTTGAGCCAG 1680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2509 TATGATTCTTAAACATCACACTGCATTAGAGGTTGAATAATAAAATTTCATGTTGAGCCAG 2568

Qy   1681 AAATATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGTCCCAGCCATGTGTTGCACTGTTCAAGCCC 1740
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2569 AAATATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGTCCCAGCCATGTGTTGCACTGTTCAAGCCC 2628

Qy   1741 CAAGGGAGAGAGCAGGGAAACAAGTCTTTACCCTTTGATATTTCATTCTAGTGGGAGA 1800
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2629 CAAGGGAGAGAGCAGGGAAACAAGTCTTTACCCTTTGATATTTCATTCTAGTGGGAGA 2688

Qy   1801 GATGACAATAAGCAAATGAGCAGAAAGATATACAACATCAGGAAATCATGGGAATCATGTTGTGA 1860
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2689 GATGACAATAAGCAAATGAGCAGAAAGATATACAACATCAGGAAATCATGGGTGTTGTGA 2748

Qy   1861 GAAGCAGAGAAGTCAGGGCAAGTCACTCTCGGGGCTGACACTTGACAGAGACATGAAGGA 1920
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2749 GAAGCAGAGAAGTCAGGGCAAGTCACTCTCGACACTTGACAGAGACATGAAGGA 2808

Qy   1921 AATAAGAATGATATTGACTGGGAGCAGTATTTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCCTGGCAAG 1980
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2809 AATAAGAATGATATTGACTGGGAGCAGTATTTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCCTGGCAAG 2868

Qy   1981 TTGGATTAAAAAGCGGGTTTTCTCAGCACTCATGTCGTGTGTGTGGGGGGGGGG 2040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||
Db   2869 TTGGATTAAAAAGCGGGTTTTCTCAGCACTCATGTCGTGTGTGTGT-GGGGGGGGGGG 2927

Qy   2041 CGGGGCGTGGGGGTGGGAAGGGGACTACCACGTCTAGGGAGTGTCTAGCGTATCCTGT 2100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2928 CGGGGCGTGGGGGTGGGAAGGGGACTACCACGTCTAGGGAGTGTCTAGCAGTATCCTGT 2987

Qy   2101 CCTCCCTACTCACTAGGTGCTAGGAGCACTCCCCCAGTCTTGACAACCAAAATGTCTCT 2160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2988 CCTCCCTACTCACTAGGTGCTAGGAGCACTCCCCCAGTCTTGACAACCAAAATGTCTCT 3047

Qy   2161 AAACTTTGCCACACGTCACCTAGTAGCACAAACTCCTGGTTAAGAAGCTCGGGTTGAAAAA 2220
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3048 AAACTTTGCCACACGTCACCTAGTAGACAAACTCCTGGTTAAGAAGCTCGGGTTGAAAAA 3107
```

```
Qy   3301 TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGATAGAGTGAGACTCTGT 3360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4187 TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGATAGAGTGAGACTCTGT 4246

Qy   3361 CTC----AAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATT 3416
          |||    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4247 CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATT 4306

Qy   3417 TGGGTCTAATTTGCCCTGAGCACCAACTCCTGAGTTCAACTACCATGGCTAGACACACCT 3476
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4307 TGGGTCTAATTTGCCCTGAGCACCAACTCCTGAGTTCAACTACCATGGCTAGACACACCT 4366

Qy   3477 TAACATTTTCTAGAATCCACCAGCTTAGTGAGTCTGTCTAATCATGAGTATTGGAATA 3536
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4367 TAACATTTTCTAGAATCCACCAGCTTAGTGAGTCTGTCTAATCATGAGTATTGGAATA 4426

Qy   3537 GGATCTGGGGGCAGTGAGGGTGGCACGTGGCAGCCACGTGGCAGAGAAAAGCACACAAGGAAA 3596
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4427 GGATCTGGGGGCAGTGAGGGTGGCACGTGGCAGCCACGTGGCAGAGAAAAGCACACAAGGAAA 4486

Qy   3597 GAGCACCCAGGACTGTCATATGGAAAGACAGGACTGCAACTCACCCTTCACCCTTCACAAAATG 3656
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4487 GAGCACCCAGGACTGTCATATGGAAAGACAGGACTGCAACTCACCCTTCACCCTTCACAAAATG 4546

Qy   3657 AGGACCAGACACAGCTGATGGTATGAGTTGATGCAGGTGTGTCAACATCCTGC 3716
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4547 AGGACCAGACACAGCTGATGGTATGAGTTGATGCAGGTGTGTCAACATCCTGC 4606

Qy   3717 TCCCCTCCTACTACACATGGTTAAGGCCTGTGTCCTCGTGCTCTCCCAGGTTCACACTCTCTGC 3776
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4607 TCCCCTCCTACTACACATGGTTAAGGCCTGTGTCCTCGTGCTCTCCCAGGTTCACACTCTCTGC 4666

Qy   3777 ACTACCTCTTCATGGTGCCTCAGACGCAGGACCTTGGTCTTTTCCTTGTTGAAGCTTTGG 3836
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4667 ACTACCTCTTCATGGTGCCTCAGACGCAGGACCTTGGTCTTTTCCTTGTTGAAGCTTTGG 4726

Qy   3837 GCTACGTGGATGACCAGCTGTTCGTTCGTTGTTCTATGATCATGAGAGTCGCCGTGTGGAGCCCC 3896
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4727 GCTACGTGGATGACCAGCTGTTCGTTCGTTGTTCTATGATCATGAGAGTCGCCGTGTGGAGCCCC 4786

Qy   3897 GAACTTCCATGGGTTTCACTGTAGAATTCAAGCCAGATGTGGCTGCAGCGTCAGCTGAGAGTC 3956
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4787 GAACTTCCATGGGTTTCACTGTAGAATTCAAGCCAGATGTGGCTGCAGCGTCAGCTGAGAGTC 4846

Qy   3957 TGAAAGGGTGGGATCACATGTTCACTGTTGACTTCTGGACTATTATGGAAAATCACAACC 4016
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4847 TGAAAGGGTGGGATCACATGTTCACTGTTGACTTCTGGACTATTATGGAAAATCACAACC 4906

Qy   4017 ACAGCAAGGGTGGAATCTTGAAGGAAACAGCTGAAGGGCCTCTGGAGTCTGGGGAGTCTGGAAGAGG 4076
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4907 ACAGCAAGGGTGGAATCTTGAAGGAAACAGCTGAAGGGCCTCTGGAGTCTGGGGAGTCTGGAAGAGG 4966

Qy   4077 TTTCATGCATCTTGAAGGAAACAGCTGAAGGGCCTCTGGAGTCTGGGGAGTCTGGGGAAGAGG 4136
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4967 TTTCATGCATCTTGAAGGAAACAGCTGAAGGGCCTCTGGAGTCTGGGGAGTCTGGGGAAGAGG 5026

Qy   4137 GAAGGAATTTGCTTCCTGAGATCATTTGGTCCTTGGGATGGTTGGAAATAGGGACCTATT 4196
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5027 GAAGGAATTTGCTTCCTGAGATCATTTGGTCCTTGGGATGGTTGGAAATAGGGACCTATT 5086

Qy   4197 CCTTTGGTTGCAGTTGCAGTTAACAAGTCCCAGAGTGAGTCCCACAGTCCCTGCAGGTCAT 4256
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5087 CCTTTGGTTGCAGTTGCAGTTAACAAGTCCCAGAGTGAGTCCCACAGTCCCTGCAGGTCAT 5146

Qy   4257 CCTGGGCTGTGAAATGCAAGAACAGTGACCAGGCTACTGGAGTACCGGGTATGA 4316
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5147 CCTGGGCTGTGAAATGCAAGAACAGTGACCAGGCTACTGGAGTACCGGGTATGA 5206

Qy   4317 TGGGCAGGACCACCTTGAATTCTGCCCTGACCACTGGAGGAGCAGCAGCAGAACCCAG 4376
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5207 TGGGCAGGACCACCTTGAATTCTGCCCTGACCACTGGAGGAGCAGCAGCAGAACCCAG 5266

Qy   4377 GGCCTGGCCCACCAAGCTGGAGTGGAAAGGCACAAGATTCGGCGACAGCAGAACAGGGC 4436
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db   5267 GGCCTGGCCCACCAAGCTGGAGTGGAAAGGCACAAGATTCGGCGACAGCAGAACAGGGC 5326

Qy   4437 CTACCTGGAGAGGGACTGCCCTGCAGCGTCGAGCAGTTGCTGGAGCTGGGGAGAGTGT 4496
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5327 CTACCTGGAGAGGGACTGCCCTGCAGCGTCGAGCAGTTGCTGGAGCTGGGGAGAGTGT 5386

Qy   4497 TTTGGACCAACAAGGTATGGTGGAAACACACTTCTGCCCCTATACTCTAGTGGCAGAGTG 4556
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5387 TTTGGACCAACAAGGTATGGTGGAAACACACTTCTGCCCCTATACTCTAGTGGCAGAGTG 5446

Qy   4557 GAGGAGGTTGCAGGCACGGAATCCCTGGTTGGAGTTTCAGAGGTGCTGAGGCTGTGTG 4616
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5447 GAGGAGGTTGCAGGCACGGAATCCCTGGTTGGAGTTTCAGAGGTGCTGAGGCTGTGTG 5506

Qy   4617 CCTCTCCAAATTCTGGGAAGGGACTTTCTCAATCCTAGAGTCTCAATCCTATAATTGAGA 4676
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5507 CCTTCCCAAATTCTGGGAAGGGACTTTCTCAATCCTAGAGTCTCAATCCTATAATTGAGA 5566

Qy   4677 TGTATGAGACAGCCACAAGTCATGTGCCCTTTAATTCTTTCTCCATGCATATGGCTCAAAG 4736
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5567 TGTATGAGACAGCCACAAGTCATGTGCCCTTTAATTCTTTCTCCATGCATATGGCTCAAAG 5626

Qy   4737 GGAAGTGTCTATGGCCCTTGCTTTTATTTAACCAATAATCTTTGTATATTTATACCTG 4796
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5627 GGAAGTGTCTATGGCCCTTGCTTTTATTTAACCAATAATCTTTGTATATTTATACCTG 5686

Qy   4797 TTAAAAATTCAGAAATGTCAAGGCCGGGCACGGTGGCTCACCCCTGTAATCCCAGCACTT 4856
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5687 TTAAAAATTCAGAAATGTCAAGGCCGGGCACGGTGGCTCACCCCTGTAATCCCAGCACTT 5746

Qy   4857 TGGGAGGCCGAGGCGGGTGGTCACAAGGTCAGGAGTTCAGAACCTGACCAACATGG 4916
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5747 TGGGAGGCCGAGGCGGGTGGTCACAAGGTCAGGAGTTTGAGACCAGCCTGACCAACATGG 5806

Qy   4917 TGAAACCCGTCTCTACTAAAAATACAAAAAATTAGCTGTCAGGCATCGCCACCTGTAGT 4976
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5807 TGAAACCCGTCTCTACTAAAAATACAAAAAATTAGCTGTCAGGCATCGCGCACCTGTAGT 5866

Qy   4977 CCCAGCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGAGCATCGCTTGAACCTGGGAGGCGGAAGTTGCA 5036
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5867 CCCAGCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGAGCATCGCTTGAACCTGGGAGGCGGAAGTTGCA 5926

Qy   5037 CTGAGCCAAGATCGCGCCACTGCACTCCAGCCTGACTGACTCCATCGTAA 5096
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||      --
Db   5927 CTGAGCCAAGATCGCGCCACTGCACTCCAGCCTGACTGACTCCATCTT 5984

Qy   5097 AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGGCCACTTATCAGAATCCTTAGGTTAAAAGTTTCTT 5156
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5985 AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGGCCACTTATCAGAATCCTTAGGTTAAAAGTTTCTT 6044

Qy   5157 CAAAATATCAAGTGAGGCCACTTATCAGAATCCTTAGGTTAAAAGTTTCTT 5216
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6045 CAAAATATCAAGTGAGGCCACTTATCAGAATCCTTAGGTTAAAAGTTTCTT 6104

Qy   5217 TCATAGACATAGCAATATCACTGAGCTACAGTCCGCTTCTATAACA 5276
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6105 TCATAGAACATAGCAATATCACTGAAGCTACAGTCCGCTTCTATAACA 6164

Qy   5277 ATGCCTCCTAGGTTGACCCAGGTGAATCGACCATCGTATTCAATCATTTCAATGCAC 5336
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6165 ATGCCTCCTAGGTTGACCCAGGTGAAACTGACCATCGTATTCAATCATTTCAATGCAC 6224

Qy   5337 ATAAAGGCAATTTATCTATCAGAAGAACAACATGGTAACAGATATGTATATTTACA 5396
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6225 ATAAAGGCAATTTATCTATCAGAAGAACAACATGGTAACAGATATGTATATTTACA 6284

Qy   5397 TGTGAGGAGAACAAGCTGATCTGACTGACTGCTCCCAAGTGACACTGTGTTAGAGTCCAATCT 5456
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6285 TGTGAGGAGAACAAGCTGATCTGACTGACTGCTCCCAAGTGACACTGTGTTAGAGTCCAATCT 6344

Qy   5457 TAGGACACAAAATGGTTGTCTCTCCGTAGCTTGTTTTCTGAAAAGGGTATTCCTTC 5516
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db   6345 TAGGACACAAAATGGTCTCCTCCGTAGCTTGTTTTTCTGAAAAGGGTATTCCTTC 6404

Qy   5517 CTCCAACCTATAGAGGAAGTGAAAGTTCCAGTCTCCTGCAAGGTAAACAGATCCCC 5576
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6405 CTCCAACCTATAGAGGAAGTGAAAGTTCCAGTCTCCTGCAAGGTAAACAGATCCCC 6464

Qy   5577 TCTCCTCCATCGTCCTTCCGTCAAGTGCCTCCTTGGTGAAGTGACACATCATGT 5636
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6465 TCTCCTCCATCCTTCCGTCAAGTGCCTCCTTGGTGAAGTGACACATCATGT 6524

Qy   5637 GACCTCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGGGCCTGAACTACTACCCCAGAACATCAC 5696
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6525 GACCTCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGGGCCTGAACTACTACCCCAGAACATCAC 6584

Qy   5697 CATGAGTGGCTGAAGGATAAGCAGCCAATGGATGCCAAGGAGTTCGAACCTAAAGACGT 5756
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6585 CATGAGTGGCTGAAGGATAAGCAGCCAATGGATGCCAAGGAGTTCGAACCTAAAGACGT 6644

Qy   5757 ATTGCCCAATGGGGATGGGACCTACCAGGGCTGGATAACCTTGGCTGTACCCCCTGGGGA 5816
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6645 ATTGCCCAATGGGGATGGGACCTACCAGGGCTGGATAACCTTGGCTGTACCCCCTGGGGA 6704

Qy   5817 AGAGCAGAGATATACGTACCAGGTGAGCACCAGGCCTGATCAGCCCCTCATTGTGAT 5876
          |||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6705 AGAGCAGAGATATACGTGGAGCACCAGGCCTGATCAGCCCCTCATTGTGAT 6764

Qy   5877 CTGGGGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGCTGAGAAATCTATTGGGGTGAGGAGAG 5936
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6765 CTGGGGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGCTGAGAAATCTATTGGGGTGAGGAGAG 6824

Qy   5937 TGCCTGAGGAGTAATTATGGCAGTGAGATGAGGATCTGCTCTTTGTTGAGGGGTGGGCT 5996
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||
Db   6825 TGCCTGAGGAGTAATTATGGCAGTGAGATGAGGATCTGCTCTTTGTTTAGGGGATGGGCT 6884

Qy   5997 GAGGGTGGCAATCAAAGGCTTAACTTGCTTTCGTTTTCGTGTTTTGTAGAGCCCTCACCGTCTGGC 6056
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||
Db   6885 GAGGGTGGCAATCAAAGGCTTAACTTGCTTTCGTTTTCGTGTTTTGTTAGAGCCCTCACCGTCTGGC 6944

Qy   6057 ACCCTAGTCATTGGAGTCATCAGTGGAATTGCTGTTTATAATTGTGTCGTCATCTGTTCATTGA 6116
          |||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||
Db   6945 ACCCTAGTCATTGGAGTCATCAGTGGAATTGCTGTTTATAATTGTGTCGTCATCTGTTCATTGA 7004

Qy   6117 ATTTTGTTCATAATATTAAGGACAGGTTCAAGTGAGTAGGAACAAGGGGGAAGT 6176
          |||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||
Db   7005 ATTTTGTTCATAATATTAAGGACAGGTTCAAGTGAGTAGGAACAAGGGGGAAGT 7064

Qy   6177 CTCTTAGTACCTCTGCCCCCAGGCCACAGTGGGACAGAGGGCAGAGGGGATCTGGCATCCA 6236
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7065 CTCTTAGTACCTCTGCCCCCAGGCCACAGTGGGACAGAGGGCAGAGGGGATCTGGCATCCA 7124

Qy   6237 TGGGAAGCATTTTCTCATTTATATTCTTTGGGGACACCAGCAGCTCCCTGGGAGGACAGA 6296
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7125 TGGGAAGCATTTTCTCATTTATATTCTTTGGGGACACCAGCAGCTCCCTGGGAGGACAGA 7184

Qy   6297 AAATAATGGTTCTCCCCAGAAGTCTCTAATTCAACAAACATCTTCAGAGCACCTA 6356
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7185 AAATAATGGTTCTCCCCAGAAGTCTCTAATTCAACAAACATCTTCAGAGCACCTA 7244

Qy   6357 CTATTTTGCAAGAGCTGTTTTAAGGTAGTAGTACAGGGGCTTTGAGGTTGAGAAGTCACTGTGG 6416
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7245 CTATTTTGCAAGAGCTGTTTTAAGGTAGTAGTACAGGGGCTTTGAGGTTGAGAAGTCACTGTGG 7304

Qy   6417 CTAATTCTCAGAGAACCCAAATCTGGTAGGGAATGAAATTGATAGCAAGTAAATGTAGTTAAA 6476
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7305 CTATTTCTCAGAGAACCCAAATCTGGTAGGGAATGAAATTGATAGCAAGTAAATGTAGTTAAA 7364

Qy   6477 GAAGACCCCATGAGGTCTAAAGCAGGCAGCAAATGCTTAGGGTGTCAAAGGAAAG 6536
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7365 GAAGACCCCATGAGGTCTAAAGCAGGCAGCAAATGCTTAGGGTGTCAAAGGAAAG 7424

Qy   6537 AATGATCACATTCAGCTGGGGATCTCAAGATAGCCTTCTGGATCTTGAAGGAGAAGCTGGAT 6596
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7425 AATGATCACATTCAGCTGGGGATCTCAAGATAGCCTTCTGGATCTTGAAGGAGAAGCTGGAT 7484
```

```
Db        TCCATTAGGTGAGGTTGAAGATGATCGGGAGGTCTCACAGACGGAGCAACCATGCCAAGT 6656

Qy   6597 TCCATTAGGTGAGGTTGAAGATGATCGGGAGGTCTCACAGACGGAGCAACCATGCCAAGT 6656
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7485 TCCATTAGGTGAGGTTGAAGATGATCGGGAGGTCTCACAGACGGAGCAACCATGCCAAGT 7544

Qy   6657 AGGAGAGTATAAGGCATACTGGGAGATTAGAAATAATTACTGTACCCTTAACCCTGAGTTT 6716
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7545 AGGAGAGTATAAGGCATACTGGGAGATTAGAAATAATTACTGTACCCTTAACCCTGAGTTT 7604

Qy   6717 GCGTAGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCTACCCCCTGAACATCGTGTGGTAGGGAA 6776
          ||  |||||||||||||||||||||||||||||||||||  |||||||||||||||||
Db   7605 GCTTAGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCTACCCCCTGAACATCTGTGTGGTAGGGAA 7664

Qy   6777 AAGAGAATCAGAAAGAAGCCAGCTCATACAGAGTCCAAGGGTCTTTTGGGATATTGGGTT 6836
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||| |||
Db   7665 AAGAGAATCAGAAAGAAGCCAGCTCATACAGAGTCCAAGGGTCTTTTGGGATATTGGGTT 7724

Qy   6837 ATGATCACTGGGGTCATTGAGGATCCTGAGTAACCTTGGCTGTACCACGATCTCCCTTATAT 6896
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7725 ATGATCACTGGGGTCATTGAGGATCCTGAGTAACCTTGGCTGTACCACGATCTCCCTTATAT 7784

Qy   6897 GGTGAATGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGAGGTGAGGAGACCAGTTAGAAAGCCAATAA 6956
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7785 GGTGAATGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGAGGTGAGGAGACCAGTTAGAAAGCCAATAA 7844

Qy   6957 GCATTTCCAGATGAGAGATAATGGTTCTTGAAATCCAATTAGTGCCCAGGTCTAAATTGAG 7016
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7845 GCATTTCCAGATGAGAGATAATGGTTCTTGAAATCCAATTAGTGCCCAGGTCTAAATTGAG 7904

Qy   7017 ATGGGTGAATGAGGAGAAAAATAAGGAAGAGGCAAGAGGTGCCAAGATGGTGCCTAGGTTTGTGAT 7076
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7905 ATGGGTGAATGAGGAGAAAAATAAGGAAGAGGCAAGAGGTGCCAAGATGGTGCCTAGGTTTGTGAT 7964

Qy   7077 GCCTCTTCCTGGTCTCTGGCTGTGTTTCGTTTTAGAGCCCTCACCGTCTTAGCTG 7136
          |||||||||||||||||||  |||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7965 GCCTCTTCCTGGTCTCTGGCTGTGTTTTCGTTTTAGAGCCCTCACCGTCTTAGCTG 8024

Qy   7137 AACGTGAGTGCACACGCAGCTCTCATGTTCAGGGAGGAGAGTTGAACCTAAACATAGA 7196
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8025 AACGTGAGTGCACACGCAGCTCTCATGTTCAGGGAGGAGAGTTGAACCTAAACATAGA 8084

Qy   7197 AAGAGGGACGTGCAATTTATGGCATTCATTCATTTTGGAAGGACTCCTTAAAAAGATTCC 7256
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8085 AAGAGGGAGTGCAATTGCATTTATGAGCTGCATTCATTTTTTGGAAGGACTCCTTAAAAAGATTCC 8144

Qy   7257 AATTGCCTGACGAACTCCTTGATTTTTAGCCTTCTGTTTCATTTCATT 7316
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8145 AATTGCCTGACGAACTCCTTGATTTTTAGCCTTCTGTTTCATTTCATT 8204

Qy   7317 CCATTTAGGTTTCTGAGTTCCTGCATGCCGGTGATCCCTAGCTGTGACCTCTCCCCTGGA 7376
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8205 CCATTTAGGTTTCTGAGTTCCTGCATGCCGGTGATCCCTAGCTGTGACCTCTCCCCTGA 8264

Qy   7377 ACTGTCTCTCATGAACCTCAAGCTGCATCTAGAGGCTTCCTTCCTATTTTTGGAGGACCACCTC 7436
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8265 ACTGTCTCTCATGAACCTCAAGCTGCATCTAGAGGCTTCCTTCCTATTTTTGGAGGACCACCTC 8324

Qy   7437 AGAGACATACACCTATGTCATTTCATTTCCTATTTTAACATCTGAGAAAAGCTTTGAACCTGTAAATTTGG 7496
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8325 AGAGACATACACCTATGTCATTTCATTTCCTATTTTAACATCTGAGAAAAGCTTTGAACCTGTAAATTTGG 8384

Qy   7497 GGGACTTACACGTCATGTTACATCTGAGTAACATCTGAGAAAAGCTTTGAACCCTGGGACGTGGCTAG 7556
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8385 GGGACTTACACGTCATGTTACATCTGAGTAACATCTGAGAAAAGCTTTGAACCCTGGGACGTGGCTAG 8444

Qy   7557 TCATAAACCTTACCAGATTTTTACACATGTATCATTTCGTCACCGTTCAACTTT 7616
          ||||||||||||||||| ||||||||||||| |||||||||||||||||||||
Db   8445 TCATAAACCTTACCAGATTTTTACACATGTATCATTTCTGGACCCGTTCAACTTT 8504

Qy   7617 TCCTTTGAATCCTCTCTCTGTGTTACCCAGTAACTCATCTGTCACCAGAGCTGGGGATT 7676
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8505 TCCTTTGAATCCTCTCTCTGTGTTACCCAGTAACTCATCTGTCACCAGAAGCTGGGGATT 8564
```

```
Qy    7677  CTTCCATCTGATTGTGATGTGAGTTGCACAGCTATGAAGGCTGTACACTGCACGGAATGGA  7736
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    8565  CTTCCATCTGATTGTGATGTGAGTTGCACAGCTATGAAGGCTGTACACTGCACGGAATGGA  8624

Qy    7737  AGAGGCACCTGTCCCAGAAAAAGCATCATCGGCTATCTGTGGGTAGTATGATGGGTGTTTT  7796
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    8625  AGAGGCACCTGTCCCAGAAAAAGCATCATCGGCTATCTGTGGGTAGTATGATGGGTGTTTT  8684

Qy    7797  TAGCAGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGGTTGTGAAGAGGGTGTTTTTCTCAATTCGC  7856
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    8685  TAGCAGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGGTTGTGAAGAGGGTGTTTTTCTCAATTGGC  8744

Qy    7857  ATGAAGGTGTCATACAGATTTGCAAAGTTTAATGTGCCTTCATTTGGGATGCTACTCTA  7916
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    8745  ATGAAGGTGTCATACAGATTTGCAAAGTTTAATGTGCCTTCATTTGGGATGCTACTCTA  8804

Qy    7917  GTATTCCAGAACCTGAAGAATCACAATAATTTTCTACCTGGTCTCTCCTTGTTCTGATAAT  7976
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    8805  GTATTCCAGAACCTGAAGAATCACAATAATTTTCTACCTGGTCTCTCCTTGTTCTGATAAT  8864

Qy    7977  GAAAATTATGATAAGGATGATGATAAAAGCACTTACTTCGTGTCCGACTCTCTGAGCCACCTA  8036
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    8865  GAAAATTATGATAAGGATGATGATAAAAGCACTTACTTCGTGTCCGACTCTCTGAGCCACCTA  8924

Qy    8037  CTTACATGCATTACTGCACTTCTTACAATAATTCTATGAGATAGGTACTATTATCC  8096
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    8925  CTTACATGCATTACTGCACTTCTTACAATAATTCTATGAGATAGGTACTATTATCC  8984

Qy    8097  CCATTTCTTTTTTAAATGAAGAAAGTGAACTAGGCCGGCACGGTGGCTCACGCCTGTAA  8156
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    8985  CCATTTCTTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGTAGGCCGGCACGGTGGCTCACGCCTGTAA  9044

Qy    8157  TCCCAGCACTTTGGGAGGCCAAAGCCGGTGGATCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCC  8216
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9045  TCCCAGCACTTTGGGAGGCCAAAGCCGGTGGATCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCC  9104

Qy    8217  TGGCTAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTG  8276
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9105  TGGCTAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTG  9164

Qy    8277  GCGAGACGCCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGGAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCATGAACCCAG  8336
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9165  GCGAGACGCCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGGAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCATGAACCCAG  9224

Qy    8337  GAGGCAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTTGCGCCCACTGCACTCCAGCCTGACCAGAGT  8396
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9225  GAGGCAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTTGCGCCCACTGCACTCCAGCCTGACCAGAGT  9284

Qy    8397  GAGACTCCATCTCAAAAAATAAAAATAAAAATAAAAAATGAAAAAAAGAAAGTGA  8456
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9285  GAGACTCCATCTCAAAAAATAAAAATAAAAATAAAAAATGAAAAAAAGAAAGTGA  9344

Qy    8457  AGTATAGAGTATCTCATAGTTGTCAGTGATAGAAACAGGTTTCAAACTCAGTCAATCTG  8516
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9345  AGTATAGAGTATCTCATAGTTGTCAGTGATAGAAACAGGTTTCAAACTCAGTCAATCTG  9404

Qy    8517  ACCGTTTGATACATCTCAGACACCACTACATTCAGTAGTTTAGATGCCTAGAATAAATAG  8576
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9405  ACCGTTTGATACATCTCAGACACCACTACATTCAGTAGTTTAGATGCCTAGAATAAATAG  9464

Qy    8577  AGAAGGAGGAGATGGCTCTCTTCTTGTCTCATTGTCATTCATTGTCTTCTCTTGCTCTCTTAAA  8636
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9465  AGAAGGAGGAGATGGCTCTCTTCTTGTCTCATTGTCATTCATTGTCTTCTCTTGCTCTCTTAAA  9524

Qy    8637  ACATGAAGGGAACAGCAGAGAAACAACCAACCAACCACCCTGCTCCTGCTCCTCCTTTAAA  8696
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9525  ACATGAAGGGAACAGCAGAGAAACAACCAACCAACCACCCTGCTCCTGCTCCTCCTTTAAA  9584

Qy    8697  AGTCCCTGAAGGAAGGTCCTGGAATGTGACTGCGAATGTGACTGCTTTGCATTTATTTTGCTTCTCTTGGCA  8756
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9585  AGTCCCTGAAGGAAGGTCCTGGAATGTGACTGCGAATGTGACTGCTTTGCATTTATTTTGCTTCTCTTGGCA  9644

Qy    8757  TTCATTTCTTTGGACCCTACGCAAGGACTGTAATTGGTGGGGACAGCTAGTGGCCCTGCT  8816
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9645  TTCATTTCTTTGGACCCTACGCAAGGACTGTAATTGGTGGGGACAGCTAGTGGCCCTGCT  9704

Qy    8817  GGGCTTCACACACGGTGCCTCCCTAGGCCAGTGCCTCTGGAGTCAGAACTCGGTGGTA  8876
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9705  GGGCTTCACACACGGTGCCTCCCTAGGCCAGTGCCTCTGGAGTCAGAACTCGGTGGTGTA  9764

Qy    8877  TTTCCCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCTCATTTGAGATGGTATAATGGAAGCCACCA  8936
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9765  TTTCCCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCTCATTTGAGATGGTATAATGGAAGCCACCA  9824

Qy    8937  AGTGGCTTAGAGGATGCCCAGGTCCTTCCATGGAGCCACTGGGGTCCGGTGCACATTAA  8996
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9825  AGTGGCTTAGAGGATGCCCAGGTCCTTCCATGGAGCCACTGGGGTCCGGTGCACATTAA  9884

Qy    8997  AAAAAAATCTAACCAGGACAATTCAGGAATTGCTAGATTCTGGAAATCAGTTCACCATG  9056
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9885  AAAAAAATCTAACCAGGACAATTCAGGAATTGCTAGATTCTGGAAATCAGTTCACCATG  9944

Qy    9057  TTCAAAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTTTGAGACTCATTGCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCA  9116
            ||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9945  TTCAAAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTTTTTGAGACTCATTGCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCA  10004

Qy    9117  TGATCTCGGCTCACTGTAACCTCTGCCTCCCCAGGTTCAAGCGATTCTCCTGTCTCAGCCT  9176
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    10005 TGATCTCGGCTCACTGTAACCTCTGCCTCCCCAGGTTCAAGCGATTCTCCTGTCTCAGCCT  10064

Qy    9177  CCCAAGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACGTGGCTCGGCTAATTTTGTATTTTTAG  9236
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    10065 CCCAAGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACGTGGCTCGGCTAATTTTGTATTTTTAG  10124

Qy    9237  TAGAGACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCCTCGACCTCGTGATCC  9296
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    10125 TAGAGACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCCTCGACCTCGTGATCC  10184

Qy    9297  CGCCTGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGTGTGAGCCACCCTGCCCAGCCGT  9356
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    10185 CGCCTGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGTGTGAGCCACCCTGCCCAGCCGT  10244

Qy    9357  CAAAAGAGTCTTAATATCTATATATCCAGATGGCATGTGTTTACTTTATCGTACTACATGCA  9416
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    10245 CAAAAGAGTCTTAATATCTATATATCCAGATGGCATGTGTTTACTTTATGTACTACATGCA  10304

Qy    9417  CTTGGCTGCATAAATGTGGTACAAGCATTCGTCTTGAAGGGCAGGTGCTTCAGGATACC  9476
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    10305 CTTGGCTGCATAAATGTGGTACAAGCATTCGTCTTGAAGGGCAGGTGCTTCAGGATACC  10364

Qy    9477  ATATACAGCTCAGAAGTTTCTTCTTTAGGCATTAAAATTTTAGCAAAGATATCTCATCTCT  9536
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    10365 ATATACAGCTCAGAAGTTTCTTCTTTAGGCATTAAAATTTTAGCAAAGATATCTCATCTCT  10424

Qy    9537  TCTTTTAAACCATTTCTTTTTTCTTTTTTGGTTAGAAAAGTTATGTAGAAAAAGTAAATGTG  9596
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    10425 TCTTTTAAACCATTTCTTTTTTCTTTTTTGGTTAGAAAAGTTATGTAGAAAAAGTAAATGTG  10484

Qy    9597  ATTTACGCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAATGAATACAATTAAAGCTGTTATTTAATTAG  9656
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    10485 ATTTACGCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAATGAATACAATTAAAGCTGTTATTTAATTAG  10544

Qy    9657  CCAGTGAAAACTATTAACAACTGTCTATTACCTGTTAGTATTATTGTCATTAAAAA  9716
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    10545 CCAGTGAAAACTATTAACAACTGTCTATTACCTGTTAGTATTATTGTCATTAAAAA  10604

Qy    9717  TGCATATACTTTAATAAAACTATGATATATCGGCTTTGGAGACATTTATTTGCATTGAGTTCTT  9776
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    10605 TGCATATACTTTAATAAAACTATGATATATCGGCTTTGGAGACATTTATTTGCATTGAGTTCTT  10664

Qy    9777  GTTCATCTTGTGTATATACTTAATCGCTTTGTCATTTGGAGACATTTATTTGCTTCTA  9836
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    10665 GTTCATCTTGTGTATATACTTAATCGCTTTGTCATTTGGAGACATTTATTTGCTTCTA  10724

Qy    9837  ATTTCTTTACATTTGTCTTACGGAATATTTCATTCAACTGTGTAGCCGAATTAATCG  9896
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db  10725  ATTTCTTACATTTGTCTTACGGAATATTTTCATTCAACTGTGGTAGCCGAATTAATCG  10784

Qy   9897  TGTTTCTTCACTCTCTAGGGACATTGTCGTCTAAGTTGTCTAAGCACATTGGTTATTTTACCAGC  9956
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||
Db  10785  TGTTTCTTCACTCTCTAGGGACATTGTCGTCTAAGTTGTCGTAAGACATTGGTTATTTTACCAGC  10844

Qy   9957  AAACCATTCTGAAAGCATATGACAAATTATTTCTCTTAATATCTTACTATACTGAAAG  10016
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10845  AAACCATTCTGAAAGCATATGACAAATTATTTCTCTTAATATCTCTAATATCTTACTATACTGAAAG  10904

Qy  10017  CAGACTCCTATAAGGCTTCACTTACTTCTTCACCTCATAAGGAATATGTTACAATTAATT  10076
            |||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10905  CAGACTGCTATAAGGCTTCACTTACTTCTTCACCTCATAAGGAATATGTTACAATTAATT  10964

Qy  10077  TATTAGGTAAGCATTTGTTTTTATATTGGTTTTATTTTCACCTGGGCTGAGATTTCAAGAAA  10136
            ||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||
Db  10965  TATTAGGTAAGCATTTGTTTTTATATTGGTTTTATTTTCACCTGGGCTGAGATTTCAAGAAA  11024

Qy  10137  CACCCCAGTCTTCACAGTAACACATTCACTAACAACCATTTACTAAACATCAGCAACTGTG  10196
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  11025  CACCCCAGTCTTCACAGTAACACATTCACTAACAACCATTTACTAAACATCAGCAACTGTG  11084

Qy  10197  GCCTGTTAATTTTTTAATAGAAATTTAAGTCCTCATTTTCTTTCGGTGTTTTTTAAGC  10256
            |||||||||||||| |||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  11085  GCCTGTTAATTTTTTTAATAGAAATTTTAAGTCCTCATTTTCTTTCGGTGTTTTTTAAGC  11144

Qy  10257  TTAATTTTTCTGGCTTTATTCATAAATTCTTAAGGTCAACTACATTTGAAAAATCAAAGA  10316
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  11145  TTAATTTTTCTGGCTTTATTCATAAATTCTTAAGGTCAACTACATTTGAAAAATCAAAGA  11204

Qy  10317  CCTGCATTTAAATTCTTATTCACCTCTGGCAAAACCATTCACAAACCATGGTAGTAAAG  10376
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  11205  CCTGCATTTAAATTCTTATTCACCTCTGGCAAAACCATTCACAAACCATGGTAGTAAAG  11264

Qy  10377  AGAAGGGTGACACCTGGTGGCCATAGGTAAATGTACCACGGTGTCCGGTGACCAGAGAT  10436
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  11265  AGAAGGGTGACACCTGGTGGCCATAGGTAAATGTACCACGGTGTCCGGTGACCAGAGAT  11324

Qy  10437  GCAGGCCTGAGGGTTTTCCTGAGGTAAAGGAATAAAGAATGGGTGGAGGGGCTGCACT  10496
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  11325  GCAGGCCTGAGGGTTTTCCTGAGGTAAAGGAATAAAGAATGGGTGGAGGGGCTGCACT  11384

Qy  10497  GGAAATCACTTGTGAGAGAAAAAGCCCCTGAAAATTTGAGAAAACAAACAGAAAACTACTTA  10556
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||
Db  11385  GGAAATCACTTGTGAGAGAAAAAGCCCCTGAAAATTTGAGAAAAACAAACAGAAAACTACTTA  11444

Qy  10557  CCAGCTATTTGAATTGCTGGAATCACAGGCCATTGCTGAGCTGCCTGAACTGGGAACACA  10616
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  11445  CCAGCTATTTGAATTGCTGGAATCACAGGCCATTGCTGAGCTGCCTGAACTGGGAACACA  11504

Qy  10617  ACAGAAGGAAAACAAACCACTCTGATAATCATTGAGTCAAGTACAGCAGGTGATTGAGGA  10676
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  11505  ACAGAAGGAAAACAAACCACTCTGATAATCATTGAGTCAAGTACAGCAGGTGATTGAGGA  11564

Qy  10677  CTGCTGAGAGGTACGGCCAAAATTCTTATGTTGTATTATAATGTCATCTTATAATA  10736
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  11565  CTGCTGAGAGGTACGGCCAAAATTCTTATGTTGTATTATAATGTCATCTTATAATA  11624

Qy  10737  CTGTCAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTCACACATTTAAAAACAAACACTG  10796
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  11625  CTGTCAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTCACACAACACTTTAAAAACAAACACTG  11684

Qy  10797  TCTCTAAAATCCCCAAATTTTTCATAAAC  10825
            |||||||||||||||||||||||||||||
Db  11685  TCTCTAAAATCCCCAAATTTTTCATAAAC  11713
```

RESULT 5
AL359892/c
LOCUS   AL359892   193752 bp   DNA   HTG   20-JAN-2001
DEFINITION Homo sapiens chromosome 6 clone RP11-557F22, *** SEQUENCING IN
            PROGRESS ***, 18 unordered pieces.
ACCESSION   AL359892

VERSION   AL359892.5 GI:9930971
KEYWORDS   HTG; HTGS_PHASE1.
SOURCE   Homo sapiens
            human.
ORGANISM   Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
REFERENCE   1 (bases 1 to 193752)
AUTHORS   Sims,S.
TITLE   Direct Submission
JOURNAL   Submitted (19-JAN-2001) Sanger Centre, Hinxton, Cambridgeshire,
            CB10 1SA, UK. E-mail enquiries: humquery@sanger.ac.uk Clone
            requests: clonerequest@sanger.ac.uk
            On Aug 27, 2000 this sequence version replaced gi:9864230.
COMMENT
            Center: Sanger Centre
            Center code: SC
            Web site: http://www.sanger.ac.uk
            Contact: humquery@sanger.ac.uk
            -------- Project Information
            Center project name: bA557F22
            -------- Summary Statistics
            Assembly program: XGAP4; version 4.5
            Sequencing vector: plasmid; L08752; 100% of reads
            Chemistry: Dye-terminator Big Dye; 100% of reads
            Consensus quality: 183925 bases at least Q40
            Consensus quality: 187703 bases at least Q30
            Consensus quality: 189658 bases at least Q20
            Insert size: 192052; sum-of-contigs
            Insert size: 198247; agarose-fp
            Quality coverage: 3.68x in Q20 bases; sum-of-contigs Quality
            coverage: 3.70x in Q20 bases; agarose-fp
            ----
            * NOTE: This is a 'working draft' sequence. It currently
            * consists of 18 contigs. The true order of the pieces
            * is not known and their order in this sequence record is
            * arbitrary. Gaps between the contigs are represented as
            * runs of N, but the exact sizes of the gaps are unknown.
            * This record will be updated with the finished sequence
            * as soon as it is available and the accession number will
            * be preserved.
            *
            *   1   3250: contig of 3250 bp in length
            *   3251 3350: gap of   100 bp in length
            *   3351 14600: contig of 11250 bp in length
            *   14601 14700: gap of   100 bp
            *   14701 32357: contig of 17657 bp in length
            *   32358 32457: gap of   100 bp
            *   32458 34886: contig of 2429 bp in length
            *   34887 34986: gap of   100 bp
            *   34987 43490: contig of 8504 bp in length
            *   43491 43590: gap of   100 bp
            *   43591 47437: contig of 3847 bp in length
            *   47438 47537: gap of   100 bp
            *   47538 57356: contig of 9819 bp in length
            *   57357 57456: gap of   100 bp
            *   57457 59845: contig of 2389 bp in length
            *   59846 59945: gap of   100 bp
            *   59946 63972: contig of 4027 bp in length
            *   63973 64072: gap of   100 bp
            *   64073 82711: contig of 18639 bp in length
            *   82712 82811: gap of   100 bp
            *   82812 111814: contig of 29003 bp in length
            *   111815 111914: gap of   100 bp
            *   111915 120276: contig of 8362 bp in length
            *   120277 120376: gap of   100 bp
            *   120377 136660: contig of 16284 bp in length
            *   136661 136760: gap of   100 bp
            *   136761 153913: contig of 17153 bp in length
            *   153914 154013: gap of   100 bp
            *   154014 158659: contig of 4646 bp in length
            *   158660 158759: gap of   100 bp
            *   158760 164235: contig of 5476 bp in length
            *   164236 164335: gap of   100 bp
            *   164336 184996: contig of 20661 bp in length

```
*    184997 185096: gap of     100 bp
*    185097 193752: contig of 8656 bp in length.
FEATURES             Location/Qualifiers
source          1..193752
                /organism="Homo sapiens"
                /db_xref="taxon:9606"
                /chromosome="6"
                /clone="RP11-557F22"
                /clone_lib="RPCI-11.2"
misc_feature    1..3250
                /note="assembly_fragment:01752
                fragment_chain:1"
misc_feature    3351..14600
                /note="assembly_fragment:01177
                fragment_chain:1"
misc_feature    14701..32357
                /note="assembly_fragment:00673
                fragment_chain:1"
misc_feature    32458..34886
                /note="assembly_fragment:00884
                fragment_chain:1"
misc_feature    34987..43490
                /note="assembly_fragment:00652
                fragment_chain:1"
misc_feature    43591..47437
                /note="assembly_fragment:00983
                fragment_chain:2"
misc_feature    47538..57356
                /note="assembly_fragment:00628
                fragment_chain:1"
misc_feature    57457..59845
                /note="assembly_fragment:01129
                fragment_chain:2"
misc_feature    59946..63972
                /note="assembly_fragment:01207
                fragment_chain:3"
misc_feature    64073..82711
                /note="assembly_fragment:00301
                fragment_chain:3"
misc_feature    82812..111814
                /note="assembly_fragment:00470"
misc_feature    111915..120276
                /note="assembly_fragment:00783.0"
misc_feature    120377..136660
                /note="assembly_fragment:01014"
misc_feature    136761..153913
                /note="assembly_fragment:01161"
misc_feature    154014..158659
                /note="assembly_fragment:01329"
misc_feature    158760..164235
                /note="assembly_fragment:01675"
misc_feature    164336..184996
                /note="assembly_fragment:01884"
misc_feature    185097..193752
                /note="assembly_fragment:01893"
BASE COUNT      55929 a  40409 c  39996 g  55686 t    1732 others
ORIGIN
```

```
Query Match         98.5%;   Score 10659;  DB 80;  Length 193752;
Best Local Similarity 98.9%;  Pred. No. 0;
Matches 10797;  Conservative     0;  Mismatches   26;  Indels   92;  Gaps    4;
```

```
Qy  1261 TTTTCACTAGGCATAGGGAGGTAGGAGCTAATAATACGTTTATTTTACTAGAAGTTAACT 1320
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 15480 TTTTCACTAGGCATAGGGAGGTAGGAGCTAATAATACGTTTATTTTACTAGAAGTTAACT 15421

Qy  1321 GGAATTCAGATTATATAACTCTTTCAGGTTACAAAGAACATAAATAATCTGGTTTTCTG 1380
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 15420 GGAATTCAGATTATATAACTCTTTCAGGTTACAAAGAACATAAATAATCTGGTTTTCTG 15361

Qy  1381 ATGTTATTTCAAGTACTACACGTCGTTCTAATCTTAGTTGACAGTGATTTTGCCCTGTAG 1440
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 15360 ATGTTATTTCAAGTACTACACGTCGTTCTAATCTTAGTTGACAGTGATTTTGCCCTGTAG 15301

Qy  1441 TGTAGCACAGTGTTCTGTGGGTCACACGCCCGGCCTCACGCACGCCTGCTTCCTGG 1500
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 15300 TGTAGCACAGTGTTCTGTGGGTCACACGCCCGGCCTCACGCACGCCTGCTTCCTGG 15241

Qy  1501 CTACGTGTATCCACATTTACACATGACAAGAATGAGGCACGGCCTGCTTCCACTTCATAGC 1560
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 15240 CTACGTGTATCCACATTTACACATGACAAGAATGAGGCACGGCCTGCTTCCACTTCATAGC 15181

Qy  1561 CAAATTTATTCAATGGTACACTGGGCTTGTTGGTGGGGCAGAGCTCATGTCTCCACTTCATAGC 1620
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 15180 CAAATTTATTCAATGGTACACTGGGCTTGTTGGTGGGGCAGAGCTCATGTCTCCACTTCATAGC 15121

Qy  1621 TATGATTCTTAAACATCACACTGTCATTAGAGGTTGAATAATAAAATTCATGTTGAGCAG 1680
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 15120 TATGATTCTTAAACATCACACTGTCATTAGAGGTTGAATAATAAAATTCATGTTGAGCAG 15061

Qy  1681 AAATATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGTCCAGCCATCCAGCTGTTCACCTGTTCAAGCCC 1740
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 15060 AAATATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGTCCAGCCATCCAGCTGTTCACCTGTTCAAGCCC 15001

Qy  1741 CAAGGGAGAGCAGCAGGGAAACAAGTCTTTACCCTTTGATATTTGCATTCTAGTGGGAGA 1800
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 15000 CAAGGGAGAGCAGCAGGGAAACAAGTATTTTACCCTTTGATATTTGCATTCTAGTGGGAGA 14941

Qy  1801 GATGACAATAAGCAGCAAATGAGCAGAAAGATATACAACATCAGGAAATCAGGTGTGTTGA 1860
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 14940 GATGACAATAAGCAGCAAATGAGCAGAAAGATATACAACATCAGGAAATCATGGTGTGTTGA 14881

Qy  1861 GAAGCAGAGAAGTCAGGGCAAGTCACTCTGGGCTGACACTTGAGCAGAGACATGAAGGA 1920
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 14880 GAAGCAGAGAAGTCAGGGCAAGTCACTCTGGGCTGACACTTGAGCAGAGACATGAAGGA 14821

Qy  1921 AATAAGAATGATATTGACTGGGAGCAGTAGTATTTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCCTGGCAAG 1980
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 14820 AATAAGAATGATATTGACTGGGAGCAGTAGTATTTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCCTGGCAAG 14761

Qy  1981 TTGGATTAAAAAGCGGGTTTCTCAGCACTTGTGTGTGTGTGGGGGGG 2040
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 14760 TTGGATTAAAAAGCGGGTTTCTCAGCACTTGTGTGTGTGTGGGGGGG 14701

Qy  2041 ---------------------------------------------- 2040
         
Db 14700 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 14641

Qy  2041 ------------------CGGCGTGGGGTGGGAAGGGGGACTACCATCTGCA 2075
                           ||||||||||||||||||||||||||||||
Db 14640 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNAAGGGGGACTACCATCTGCA 14581

Qy  2076 TGTAGGATGCTTCTAGCAGTATCCTGTCCTCTCCCTACTCACTAGGAGCACTCCCC 2135
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 14580 TGTAGGATGCTTCTAGCAGTATCCTGTCCTCTCCCTACTCACTAGGAGCACTCCCC 14521

Qy  2136 AGTCTTGACAACCAAAAATGTCTCTAAACATTTGCCACCATGTCACCTAGTGACAAACTCC 2195
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 14520 AGTCTTGACAACCAAAAATGTCTCTAAACATTTGCCACCATGTCACCTAGTGACAAACTCC 14461

Qy  2196 TGGTTAAGAAGCTTCGGGTTGAAAAATAAACAAGTAGTGCTGGGGGAGTAGAGGCCAAGA 2255
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 14460 TGGTTAAGAAGCTTCGGGTTGAAAAATAAACAAGTAGTGCTGGGGGAGTAGAGGCCAAGA 14401
```

```
Qy  2256 AGTAGGTAATGGGCTCAGAGAGAGGAGCCACAAACAAGTTCTGCAGGCGCCTGTAGGCTG 2315
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 14400 AGTAGGTAATGGGCTCAGAGAGAGGAGCCACAAACAAGTTCTGCAGGCGCCTGTAGGCTG 14341

Qy  2316 TGGTGTGAATTCTAGCCAAGGATCAACAGTGATCTGTCACAGGCTTTTAAAAGATTGCTC 2375
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 14340 TGGTGTGAATTCTAGCCAAGGATCAACAGTGATCTGTCACAGGCTTTTAAAAGATTGCTC 14281

Qy  2376 TGGCTGCTATGTGGAAAGCAGAATGAAGGGAGCAACAGTAAAAGCAGGAGGCCCAGCCAG 2435
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 14280 TGGCTGCTATGTGGAAAGCAGAATGAAGGGAGCAACAGTAAAAGCAGGAGGCCCAGCCAG 14221

Qy  2436 GAAGCTGTTACACAGTCCAGGCAAGAGGTAGTGAGTGGGCTGGGTGGGGAACAGAAAAGG 2495
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 14220 GAAGCTGTTACACAGTCCAGGCAAGAGGTAGTGAGTGGGCTGGGTGGGGAACAGAAAAGG 14161

Qy  2496 GAGTGACAAACCATTGTCTCCTGAATATATTCTGAAGGAGTTGCTGAAGGATTCTATGT 2555
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 14160 GAGTGACAAACCATTGTCTCCTGAATATATTCTGAAGGAGTTGCTGAAGGATTCTATGT 14101

Qy  2556 TGTGTGAGAAAGAGAAGAATTGGCTGGCTAGTAGTGCTCAAGGAGGAGGCCAA 2615
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 14100 TGTGTGAGAAAGAGAAGAATTGGCTGGGTGTAGTAGCTCAAGGAGGAGGCCAA 14041

Qy  2616 GGAGAGCAGATTCCTGAGCTCAGAGTTCAAGAGACCAGCTGGGCAACACAGCAAAACCCC 2675
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 14040 GGAGAGCAGATTCCTGAGCTCAGAGTTCAAGAGACCAGCTGGGCAACACAGCAAAACCCC 13981

Qy  2676 TTCTCTACAAAAATACAAAATTAGCTGGGTGGTGGTGGCATGCACCTGTGTCGATCCTAGCT 2735
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 13980 TTCTCTACAAAAATACAAAATTAGCTGGGTGGTGGTGGCATGCACCTGTGTCGATCCTAGCT 13921

Qy  2736 ACTCGGGAGGCTGAGGTGGGAGGGTATTGCTTGAGCCCAGGAGTTGCGAGCTGCAGTGAGC 2795
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 13920 ACTCGGGAGGCTGAGGTGGGAGGGTATTGCTTGAGCCCAGGAGTTGAGGCTGCAGTGAGC 13861

Qy  2796 CATGACTGTGCCACTGTACTTCAGCCTGTAGGTGACAGACCCGTCTCCCCTGACC 2855
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 13860 CATGACTGTGCCACTGTACTTCAGCCTGTAGGTGACAGACCCGTCTCCCCTGACC 13801

Qy  2856 CCCTGAAAAAGAAGAAGAGAAGAGTTAAAGTTGACTTTGTTCTTTATTTATTGGCCTGA 2915
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 13800 CCCTGAAAAAGAAGAAGAGAAGAGTTAAAGTTGACTTTGTTCTTTATTTATTGGCCTGA 13741

Qy  2916 GCAGTGGGTAATTGGCAATGCCATTTCTGAGATGTGAAGGCAGCAGAAAGAGACAGTTT 2975
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 13740 GCAGTGGGTAATTGGCAATGCCATTTCTGAGATGTGAAGGCAGCAGAAAGAGCAGTTT 13681

Qy  2976 GGGGTAAATCAAGGATCTGCATTTGGGACATGTAAGTTGCAGTCCAGTCCAGGCTTCC 3035
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 13680 GGGGTAAATCAAGGATCTGCATTT-GGACATGTAAGTTGCAGTCCAGTCCAGGCTTCC 13622

Qy  3036 AAGTGGTGAGGCCACATAGGCAGTTCAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGGCACGGT 3095
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 13621 AAGTGGTGAGGCCACATAGGCAGTTCAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGGCACGGT 13562

Qy  3096 GGCTCACTTCCTGTAATCCCAGCACTTTGGGAGGCTGAGGCGGGTAGGATCATTGAGGTCAG 3155
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 13561 GGCTCACTTCCTGTAATCCCAGCACTTTGGGAGGCTGAGGCGGGTAGGATCATTGAGGTCAG 13502

Qy  3156 GAGTTTGAGACAAGCTTGGCCAACATGGTGAAACCCCATGTCTACTAAAAATACAAAAT 3215
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 13501 GAGTTTGAGACAAGCTTGGCCAACATGGTGAAACCCCATGTCTACTAAAAATACAAAAT 13442

Qy  3216 TAGCCTGGTGGTGGCGCACGCCACCTAGTGCTTCAGGGTTTCAGGAGGCTTAGGTAGGAGA 3275
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 13441 TAGCCTGGTGGTGGCGCACGCCACCTAGTGCTTCAGGGTTTCAGGAGGCTTAGGTAGGAGA 13382

Qy  3276 ATCCCCTTGAACCCAGGAGGTGCAGTGCCAGTGAGATTGCCACTGCACTCCACTCCAG 3335
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 13381 ATCCCCTTGAACCCAGGAGGTGCAGTGCCAGTGAGATTGCCACTGCACTCCACTCCAG 13322

Qy  3336 CCTGGGTGATAGAGTGAGACTCTGTCTC-----AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA 3390
```

```
Db 13321  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
          CCTGGTGTGATAGAGTTGAGACTCTGTCTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA 13262
Qy  3391  AACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATTTGGTCTAATTTGCCCTGAGACCAACTCCTGAG 3450
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 13261  AACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATTTGGTCTAATTTGCCCTGAGACCAACTCCTGAG 13202

Qy  3451  TTCAACTACCATGGCTAGACACACCTTAACATTTCTAGAATCCACCAGCTTTAGTGGAG 3510
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 13201  TTCAACTACCATGGCTAGACACACCTTAACATTTCTAGAATCCACCAGCTTTAGTGGAG 13142

Qy  3511  TCTGTCTAATCATGATTGGAATAGGATCTGGGGCAGTGAGGGGGTGGCAGCCACGT 3570
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 13141  TCTGTCTAATCATGATTGGAATAGGATCTGGGGCAGTGAGGGGGTGGCAGCCACGT 13082

Qy  3571  GTGGCAGAGAAAAGCACACAAGGAAAAGAGCACCCAGGACTGTCATATGGAAAGAACAG 3630
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 13081  GTGGCAGAGAAAAGCACACAAGGAAAAGAGCACCCAGGACTGTCATATGGAAAGAACAG 13022

Qy  3631  GACTGCAACTCACCCTTCACAAAATGAGGACACAGACAGCTGATGGTATGAGTTGATGC 3690
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 13021  GACTGCAACTCACCCTTCACAAAATGAGGACACAGACAGCTGATGGTATGAGTTGATGC 12962

Qy  3691  AGGTGTGTGGAGCCTCAACATCCTGTCCCCTCCTACTACACATGGTTAAGGCCTGTTGC 3750
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 12961  AGGTGTGTGGAGCCTCAACATCCTGTCCCCTCCTACTACACATGGTTAAGGCCTGTTGC 12902

Qy  3751  TCTGTCTCCAGGTTCACACTCTCTGCACTACCTCTTCATGGGTGCCTCAGAGCCAGGACCT 3810
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 12901  TCTGTCTCCAGGTTCACACTCTCTGCACTACCTCTTCATGGGTGCCTCAGAGCCAGGACCT 12842

Qy  3811  TGGGTCTTTCCTTGTTGTGAAGCTTTGGGCTTACGTGGCTACCAGCTGTTCGTGTTCTATGA 3870
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 12841  TGGGTCTTTCCTTGTTGTGAAGCTTTGGGCTTACGTGGCTACCAGCTGTTCGTGTTCTATGA 12782

Qy  3871  TCATGAGAGTCGCCGTGTGGAGCCCCGAACTCCATGGGTTTCCAGTAGAATTCAAGCCA 3930
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 12781  TCATGAGAGTCGCCGTGTGGAGCCCCGAACTCCATGGGTTTCCAGTAGAATTCAAGCCA 12722

Qy  3931  GATGGTGGCTGCAGCTGAGTCAGAGTCTGAGTCAGAGTCTGAAAGGGTGGGATCCACATGTTCACTGTTGACTT 3990
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 12721  GATGGTGGCTGCAGCTGAGTCAGAGTCTGAGTCAGAGTCTGAAAGGGTGGGATCCACATGTTCACTGTTGACTT 12662

Qy  3991  CTGGACTATTATGGAAAATCACACACCAGCAAGGCTATGTGGAGAGGGGGCCTCACCTT 4050
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 12661  CTGGACTATTATGGAAAATCACACACCAGCAAGGCTATGTGGAGAGGGGGCCTCACCTT 12602

Qy  4051  CCTGAGGTGTCAGTCTCAGGCTTTCATGCATCTTGAAGGAAACAGCTGGAAGTCT 4110
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 12601  CCTGAGGTGTCAGTCTCAGGCTTTCATGCATCTTGAAGGAAACAGCTGGAAGTCT 12542

Qy  4111  GAGGTCTTGTGGGAGCAGGCAGGAGGAGGAATTTGCTTCCTTGCAGTTCATTTGGTCCTT 4170
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 12541  GAGGTCTTGTGGGAGCAGGCAGGAGGAGGAATTTGCTTCCTTGCAGTTCATTTGGTCCTT 12482

Qy  4171  GGGGATGGTGGAAATAGGGACACCCTGGCTTAACAAGGCTGGGGATTTT 4230
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 12481  GGGGATGGTGGAAATAGGGACACCCTGGCTTAACAAGGCTGGGGATTTT 12422

Qy  4231  CCAGAGTCCCACACCCTGCAGTCATCCGGCTGGGCGTGAAATGCAAGAGACAACAGTACC 4290
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 12421  CCAGAGTCCCACACCCTGCAGTCATCCGGCTGGGCGTGAAATGCAAGAGACAACAGTACC 12362

Qy  4291  CCAGAGTCCCACACCCTGCAGTCATCCGGCTGGGCGTGAAATGCAAGAGACAACAGTACC 4350
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 12361  CCAGAGTCCCACACCCTGCAGTCATCCGGCTGGGCGTGAAATGCAAGAGACAACAGTACC 12302

Qy  4351  CTGGATTGGAGAGCAGCAGCAGGAGACACGGGTAGATGGGCCAGGACCTGCCCTGACACA 4410
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 12301  CTGGATTGGAGAGCAGCAGCAGGAGACACGGGTAGATGGGCCAGGACCTGCCCTGACACA 12242

Qy  4411  AAGATTCGGGCCAGGCAGCAGGGCCTACCTGGAGAGGGACTGCCCTGCAG 4470
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 4411
```

```
Db 12241  AAGATTCGGGCCAGGCAGCAGGGCCTACCTGGAGAGGGACTGCCCTGCACAGCTGCAG 12182
Qy  4471  CAGTTGCTGGAGCTGGGGAGGTGTTTGGACCAACAAGGTATGGTGGAAACACACTTC 4530
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 12181  CAGTTGCTGGAGCTGGGGAGGTGTTTGGACCAACAAGGTATGGTGGAAACACACTTC 12122

Qy  4531  TGCCCCTATACTCTAGTGCAGACTGGAGGAGTTGCAGGGCACGGAATCCCTGGTTGGA 4590
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 12121  TGCCCCTATACTCTAGTGCAGACTGGAGGAGTTGCAGGGCACGGAATCCCTGGTTGGA 12062

Qy  4591  GTTTCAGAGGTGGCTGAGCCTGTGTGCCTCTCCAAATTCTGGGAAGGGACTTTCTCAATC 4650
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 12061  GTTTCAGAGGTGGCTGAGCCTGTGTGCCTCTCCAAATTCTGGGAAGGGACTTTCTCAATC 12002

Qy  4651  CTAGAGTCTCTACCTTATAATTGTGAGATGTATAATTGAGATGTATGAGACAGCCACAAGTCATGGGTTTAATTT 4710
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 12001  CTAGAGTCTCTACCTTATAATTGTGAGATGTATAATTGAGATGTATGAGACAGCCACAAGTCATGGGTTTAATTT 11942

Qy  4711  CTTTTCTCCATGCATATGGCTCAAAGGGAGTGTCTATGGCCCTTGCTTTTTATTTAACC 4770
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 11941  CTTTTCTCCATGCATATGGCTCAAAGGGAGTGTCTATGGCCCTTGCTTTTTATTTAACC 11882

Qy  4771  AATAATCTTTTGTATATTTATACCTGTTAAAATTCAGAAATTGGAAGCTCAAGGCCACGGT 4830
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 11881  AATAATCTTTTGTATATTTATACCTGTTAAAATTCAGAAATTGGAAGCTCAAGGCCACGGT 11822

Qy  4831  GGCTCACCCTGTAATCCCAGCACTTTGGGAGGCCGAGGCGGGTGGTCACAAGGTCAGGA 4890
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 11821  GGCTCACCCTGTAATCCCAGCACTTTGGGAGGCCGAGGCGGGTGGTCACAAGGTCAGGA 11762

Qy  4891  GTTTGAGACCAGCCTGACCAACATGGTGAAACCCGTCTCTAAAAAAATACAAAAATTAGC 4950
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 11761  GTTTGAGACCAGCCTGACCAACATGGTGAAACCCGTCTCTAAAAAAATACAAAAATTAGC 11702

Qy  4951  TGGTCACAGTCATCATGGCGCACCTGAGTCCCAGCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGCATCG 5010
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 11701  TGGTCACAGTCATCATGGCGCACCTGAGTCCCAGCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGCATCG 11642

Qy  5011  CTTGAACCTGGGAGGCGGAAGTTGCACTGAGCCGAAGATCGCCGCCACTGCACTCCAGCCTA 5070
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 11641  CTTGAACCTGGGAGGCGGAAGTTGCACTGAGCCGAAGATCGCCGCCACTGCACTCCAGCCTA 11582

Qy  5071  GGCAGCAGTGAGACTCCATCTTAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAATTCAGAGA 5130
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 11581  GGCAGCAGTGAGACTCCATCTTAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAATTCAGAGA 11522

Qy  5131  TCTCAGCTATCATATGAATACCAGACAAAATATCAAGCTGAGGCCACTACTAGTAGA 5190
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 11521  TCTCAGCTATCATATGAATACCAGACAAAATATCAAGCTGAGGCCACTACTAGTAGA 11462

Qy  5191  AGATCCTTAGGTTAAAAGTTTCTTTCATGACATAGCAATAATCACTGAAGCTACCT 5250
          ||||||| |||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||
Db 11461  AGAATCCTTTA-GTTAAAAGTTTCTTTCATGACNATAGNAATAATCACTGAAGCTACCT 11403

Qy  5251  ATCTTACAAGTCCGCTTCTTATAACAATGCCTCCTAGGTTGACCCAGGTGAAACTGACCA 5310
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 11402  ATCTTACAAGTCCGCTTCTTATAACAATGCCTCCTAGGTTGACCCAGGTGAAACTGACCC 11343

Qy  5311  TCTGTATTCAATCATTTTCAATGCACATAAAGGGCAATTTATCTATCAGAACAAAGAAC 5370
          | |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 11342  TTTGTATTCAATCATTTTCAATGCACATAAAGGGCAGTTTATCTATCAGAACAAAGAAC 11283

Qy  5371  ATGGGTAACAGATATGTATATTTACATGTGAGGAGAACAAGCTGATCTGACGCTCTCCA 5430
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 11282  ATGGGTAACAGATATGTATATTTACATGTGAGGAGAACAAGCTGATCTGACTGCTCTCCA 11223

Qy  5431  AGTGACACTGTGTTAGAGTCCAATCTTAGGACACAAAATGGTGTCTCCTCGTAGCTTGT 5490
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 11222  AGTGACACTGTGTTAGAGTCCAATCTTAGGACACAAAATGGTGTCTCCTCGTAGCTTGT 11163

Qy  5491  TTTTTTCTGAAAAGGGTATTTCCTTCCTCCAACCTATAGAAGGAAGTTCCAGTC 5550
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 11162  TTTTTTCTGAAAAGGGTATTTCCTTCCTCCAACCTATAGAAGGAAGTTCCAGTC 11103
```

us-09-497-957-3.rge

```
Qy   5551  TTCCTGCAAGGGTAAACAGATCCCCTCCTCCTCATCCTTCCTCCTTCTTCCTGTCAAGTGCCT  5610
           ||||||  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  11102  TTCCTGGGAAGGGTAAACAGATCCCCTCCTCCTCATCCTTCCTCCTTCTTCCTGTCAAGTGCCT 11043

Qy   5611  CCTTGGTGAAGGTGACACATCATGTGGAACATCATGTGACCTCTTCAGTGACCACTCTACGGGTCGGGCC  5670
           |||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  11042  CCTTGGTGAAGGTGACACATCATGTGACCATCATGTGACCTCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGGGCC 10983

Qy   5671  TTGAACTACTACCCCCAGAACATCACCATGAGTGCTGAAGGATAAGCAGCCAATGGAT  5730
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10982  TTGAACTACTACCCCCAGAACATCACCATGAGTGCTGAAGGATAAGCAGCCAATGGAT 10923

Qy   5731  GCCAAGGAGTTCGAACCTAAAGACGTATTCCCCAATGGGACTGGGACCTACCAGGGCTGG  5790
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10922  GCCAAGGAGTTCGAACCTAAAGACGTATTCCCCAATGGGACTGGGACCTACCAGGGCTGG 10863

Qy   5791  ATAACCTTGGCGTGTACCCCCTGGGAAGACGAGAGCCAGAGATATACGTGCCAGGTGGAGCACCCA  5850
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10862  ATAACCTTGGCGTGTACCCCCTGGGAAGACGAGAGCCAGAGATATACGTGCCAGGTGGAGCACCCA 10803

Qy   5851  GGCCTGGATCAGCCCCTCATTGTGATCTGGGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGCTGA  5910
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10802  GGCCTGGATCAGCCCCTCATTGTGATCTGGGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGCTGA 10743

Qy   5911  GAAAATCTATTGGGGGTTGAGAGGAGTGCCTGAGGAGGTAATTATGCCAGTGAGATGAGG  5970
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10742  GAAAATCTATTGGGGGTTGAGAGGAGTGCCTGAGGAGGTAATTATGCCAGTGAGATGAGG 10683

Qy   5971  ATCTGCTCTTTTAGAGCCCTCACCGTCTGGCACCCTGGAATTTCTTCATAATATTAACTTGCTTT  6030
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10682  ATCTGCTCTTTTAGAGCCCTCACCGTCTGGCACCCTGGAATTTCTTCATAATATTAACTTGCTTT 10623

Qy   6031  CTGTTTTAGGGGGTTGGCCTGAGGTGCCAATCAAAGGCTTTAACTTGCTTG  6090
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10622  CTGTTTTAGGGGGTTGGCCTGAGGTGCCAATCAAAGGCTTTAACTTGCTTG 10563

Qy   6091  TTTTTGTCGTCATCTGTTCATTGGAATTTTCTTCATAATATTAAGGAAGAGGCCAGGGTT  6150
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10562  TTTTTGTCGTCATCTGTTCATTGGAATTTTCTTCATAATATTAAGGAAGAGGCCAGGGTT 10503

Qy   6151  CAAGTGAGTAGGAACAAGGGGAAGTCTCTTAGTACCCTGCCCCCAGGGCACAGTGGGAA  6210
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10502  CAAGTGAGTAGGAACAAGGGGAAGTCTCTTAGTACCCTGCCCCCAGGGCACAGTGGGAA 10443

Qy   6211  GAGGGGCAGAGAGGGATCTGGCATCCATGGGAAGCATTTTTCATTTATTATTCTTTGGGG  6270
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10442  GAGGGGCAGAGAGGGATCTGGCATCCATGGGAAGCATTTTTCATTTATTATTCTTTGGGG 10383

Qy   6271  ACACCAGCAGCTCCCTGGGAGACAGAAAATAATGGTTCTCCCCAGAATGAAAGTCTCTAA  6330
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10382  ACACCAGCAGCTCCCTGGGAGACAGAAAATAATGGTTCTCCCCAGAATGAAAGTCTCTAA 10323

Qy   6331  TTCAACAAACATCTTCAGAGAGCACCTACTATTTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTAGTACAGGG  6390
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10322  TTCAACAAACATCTTCAGAGAGCACCTACTATTTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTAGTACAGGG 10263

Qy   6391  GCTTTGAGGTTGAAGTTGAGAAGTCACTGTTCCATTGGGTAGGAGGAATGAA  6450
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10262  GCTTTGAGGTTGAAGTTGAGAAGTCACTGTTCCATTGGGTAGGAGGAATGAA 10203

Qy   6451  ATTGATAGCAAGTAAATGTAGTTAAAGAAGAACCCCATGAGGTCTCTAAAGCAGGCAGGAAG  6510
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10202  ATTGATAGCAAGTAAATGTAGTTAAAGAAGAACCCCATGAGGTCTCTAAAGCAGGCAGGAAG 10143

Qy   6511  CAAATGTGTCAAGGTGTCAAAGGAAGAATGATCACATTCAGCTGGGATCAAGATAGCCT  6570
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10142  CAAATGTGTCAAGGTGTCAAAGGAAGAATGATCACATTCAGCTGGGATCAAGATAGCCT 10083

Qy   6571  TCATCTGTCACCAAGCCTTGGGATTCTTGGGGATTCTTCCATCTGATTGTGATGTGCACAGCTA  6630
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10082  TCTTCTGTCACCAAGCCTTGGGATTCTTGGGGATTCTTCCATCTGATTGTGATGTGCACAGCTA 10023
```

```
Qy   6631  ACACAGACGGAGCAACCATGCCAAGTAGGAGAGTATAGGCATACTGGGAGATTAGAAAT  6690
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10022  ACACAGACGGAGCAACCATGCCAAGTAGGAGAGTATAGGCATACTGGGAGATTAGAAAT  9963

Qy   6691  AATTACTGTACCTTAACCCTGAGTTGCGTAGCTATCACCAATTATGCATTCTAC  6750
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9962  AATTACTGTACCTTAACCCTGAGTTGCGTAGCTATCACCAATTATGCATTCTAC  9903

Qy   6751  CCCCTGAACATCTGTGTGGTAGGGGAAAAGAATCAGAAGAGCCAGCTCATCACAGAGT  6810
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9902  CCCCTGAACATCTGTGTGGTAGGGGAAAAGAATCAGAAGAGCCAGCTCATCACAGAGT  9843

Qy   6811  CCAAGGGTCTTTTGGGATATTGGGTTATGATCACTGGGGTGTCATTGAAGGATCCTAAGA  6870
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9842  CCAAGGGTCTTTTGGGATATTGGGTTATGATCACTGGGGTGTCATTGAAGGATCCTAAGA  9783

Qy   6871  AAGGAGGACCACGATCTCCCTATATGTGAATGGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGAGGT  6930
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9782  AAGGAGGACCACGATCTCCCTATATGTGAATGGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGAGGT  9723

Qy   6931  GAGGAGACCAGTAGAAAGCCAATAAGCATTTCCAGATGAGAGATAATGGTTCTTGAAAT  6990
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9722  GAGGAGACCAGTAGAAAGCCAATAAGCATTTCCAGATGAGAGATAATGGTTCTTGAAAT  9663

Qy   6991  CCAATAGTGCCCAGGTCTAAATTGAGATGGGTGAATTGAGGAAAAATAAGGAAGAGAAGA  7050
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9662  CCAATAGTGCCCAGGTCTAAATTGAGATGGGTGAATTGAGGAAAAATAAGGAAGAGAAGA  9603

Qy   7051  GGCAAGATGGTGCCTAGGTTGTTGATGCCTCTTTCCTGGGTCTCTCCACAGGAGG  7110
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9602  GGCAAGATGGTGCCTAGGTTGTTGATGCCTCTTTCCTGGGTCTCTCCACAGGAGG  9543

Qy   7111  AGCCATGGGCACTACGTCTTAGCTGACTCAAAGAGGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCATGGTTTC  7170
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9542  AGCCATGGGCACTACGTCTTAGCTGACTCAAAGAGGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCATGGTTTC  9483

Qy   7171  GGGAAGGAGACACAAACTAGACTAGAGACATAGAAATTGCCTGACGAACTCCTGATTTTAGCCTTCT  7230
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9482  GGGAAGGAGACACAAACTAGACTAGAGACATAGAAATTGCCTGACGAACTCCTGATTTTAGCCTTCT  9423

Qy   7231  AGGAGAGTTGAACCTAAACATAGAAATTCCCATTTAGGTTCTGAGTTCCTGCATGCCGGTGA  7290
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9422  AGGAGAGTTGAACCTAAACATAGAAATTCCCATTTAGGTTCTGAGTTCCTGCATGCCGGTGA  9363

Qy   7291  CTGTTCATTCCTCAAAAGATTTCCCATTTAGGTTCTGAGTTCCTGCATGCCGGTGA  7350
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9362  CTGTTCATTCCTCAAAAGATTTCCCATTTAGGTTCTGAGTTCCTGCATGCCGGTGA  9303

Qy   7351  TCCCTAGCTGTGAACCTGACCTCTCCTCATGAACCTGGAACTGTCTCATGAACCTGCATCTGCATCTAGAG  7410
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9302  TCCCTAGCTGTGAACCTGACCTCTCCTCATGAACCTGGAACTGTCTCATGAACCTGCATCTGCATCTAGAG  9243

Qy   7411  GCTTCCTCATTCCTCCGTCCTCGTTCCTTTCCTTTGAATCCTCTGTGTCATTTCCTATT  7470
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9242  GCTTCCTCATTCCTCCGTCCTCGTTCCTTTCCTTTGAATCCTCTGTGTCATTTCCTATT  9183

Qy   7471  TTTGGAAGGGACTCCTCAAATTTGGGGACTCCTCAAATTTGGGGACTCCATCATTTAACATCTGAGAAA  7530
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9182  TTTGGAAGGGACTCCTCAAATTTGGGGACTCCTCAAATTTGGGGACTCCATCATTTAACATCTGAGAAA  9123

Qy   7531  AGCTTTGAACCCTGGGACGTGGCTAGTCATAACCTTTACCATGTATCTA  7590
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9122  AGCTTTGAACCCTGGGACGTGGCTAGTCATAACCTTTACCATGTATCTA  9063

Qy   7591  TGCATTTTCTGGACCCGTTCAACTTTCCTTTGAATCCTCTGTGTTACCCAGTAAC  7650
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9062  TGCATTTTCTGGACCCGTTCAACTTTCCTTTGAATCCTCTGTGTTACCCAGTAAC  9003

Qy   7651  TCATCTGTCACCAAGCCTTGGGATTCTTCCATCTGATTGTGATGTGCACAGCTA  7710
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9002  TCATCTGTCACCAAGCCTTGGGATTCTTCCATCTGATTGTGATGTGCACAGCTA  8943

Qy   7711  TGAAGGCTGTACACTGACGAATGGAAGAGGCACCTGTCCCAGAAAAAGCACATGCTA  7770
```

us-09-497-957-3.rge

```
Db  7862  TGGTGGGACAGCTAGTGCGCCTGCCCTGCTCGGCTTCACACACGGTGTCCTCCCTAGGCCAGTG  7803
Qy  8851  CCTCTGGAGTCAGAACTCTGGTGGTATTCCCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCTCATT  8910
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7802  CCTCTGGAGTCAGAACTCTGGTGGTATTCCCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCTCATT  7743

Qy  8911  TTGAGATGTATAATGAAGCCACCAAGTGCTTAGAGGATGCCCAGGTCCTTCCATGGA  8970
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7742  TTGAGATGTATAATGAAGCCACCAAGTGCTTAGAGCATGCCCAGGTCCTTCCATGGA  7683

Qy  8971  GCCACTGGGGTTCCGGTGCACATTAAAAAAAAAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCT  9030
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7682  GCCACTGGGGTTCCGGTGCACATTAAAAAAAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCT  7623

Qy  9031  AGATTCTGGAAATCAGTTCACCATGTCAAAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTTGAGACTCT  9090
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7622  AGATTCTGGAAATCAGTTCACCATGTCAAAAGAGTCTTTTTTTTTTTTGAGACTCT  7563

Qy  9091  ATTGCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCATGATCTCGGCTCACTGCCTCTGCCTCCCAGG  9150
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7562  ATTGCCCAGGCTGGAGTGCAATGTCATGATCTCGGCTCACTGCCTCTGCCTCCCAGG  7503

Qy  9151  TTCAAGCGATTCTCCTGTCTCAGCCTCCCAAGTAGCTGGGATTACAGGCGGTGCACCACCA  9210
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7502  TTCAAGCCATTCTCCTGTCTCAGCCTCCCAAGTAGCTGGGATTACAGGCGTCACCACCA  7443

Qy  9211  TGCCCGGCTAATTTTGTATTTTTAGTAGAGACAGGGTTCACCATGTTGGCCAGGCTGG  9270
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7442  TGCCCGGCTAATTTTGTATTTTTAGTAGAGACAGGGTTCACCATGTTGGCCAGGCTGG  7383

Qy  9271  TCTCGAACTCCTCGACCTCGTGATCTCCGCCTGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTAC  9330
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7382  TCTCGAACTCCTCGACCTCGTGATCTCCGCCTGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTAC  7323

Qy  9331  AGGTGTGAGCCACCGCCTGCCCAGCCGTCAAAAGAGTCTTAATATATATAATATCAGATGGCAT  9390
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7322  AGGTGTGAGCCACCGCCTGCCCAGCCGTCAAAAGAGTCTTAATATATATAATATCCAGATGGCAT  7263

Qy  9391  GTGTTTACTTTATGTTACTACACGACTTGGCTGCATAAAATGTGGTACAAGCATTCTGTC  9450
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7262  GTGTTTACTTTATGTTACTACACGACTTGGCTGCATAAAATGTGGTACAAGCATTCTGTC  7203

Qy  9451  TTGAAGGGCAGGTGCTTCAGGATACCACCATATACAGCTCAGAAGTTCTTCTTAGGCATTA  9510
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7202  TTGAAGGGCAGGTGCTTCAGGATACCACCATATACAGCTCAGAAGTTCTTCTTAGGCATTA  7143

Qy  9511  AATTTTAGCAAAGATATCTCATCTCTTCTTTAAACCATTTCTTTTTTTTTTTTGTGTTAGAA  9570
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7142  AATTTTAGCAAAGATATCTCATCTCTTCTTTAAACCATTTCTTTTTTTTTTTTGTGTTAGAA  7083

Qy  9571  AAGTTATGTAGAAAAAGTAAATGCATTAATAGCCAGTGAAAAACTATTAACAACTTGTTATTGTTA  9630
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7082  AAGTTATGTAGAAAAAGTAAATGCATTAATAGCCAGTGAAAAACTATTAACAACTTGTTATTACC  7023

Qy  9631  TACAATTAAAGCTGTTATTTGTTGCATTAAAAAATGCATTTAAAAAATGCCTTTATTGTTATTGTTA  9690
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7022  TACAATTAAAGCTGTTATTTGTTGCATTAAAAAATGCATTTAAAAAATGCCTTTATTACC  6963

Qy  9691  TGTTAGTATTATTGTTGCATTGAAGTCATCATCATCGTGTATAATACTTAATACTGCTTTGTA  9750
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6962  TGTTAGTATTATTGTTGCATTGAAGTCTTCATCTTGTGTATAATACTTAATACTGCTTTGTA  6903

Qy  9751  TACTGCATGATTTATTGAGTCTTCAATCTCTGTATATCGGTATATACTTAATACGCTTTGTCTCA  9810
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6902  TACTGCATGATTTATTGAGTCTTCATCTTGTGTATATACTTAATACGCTTTGTCA  6843

Qy  9811  TTTTGGAGACATTATTTTGCTTCTAATTTTGTCTTACCAATTTGTCTTACGGAATATTTTCA  9870
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6842  TTTTGGAGACATTATTTTGCTTCTAATTTTGTCTTACCAATTTGTCTTACGGAATATTTTCA  6783

Qy  9871  TTCAACTGTGTGGTAGCCGAATTAATCGTGTTCTTCACTCTGTTCTTCACTCGTCGTCTAAGT  9930
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6782  TTCAACTGTGTGGTAGCCGAATTAATCGTGTTCTTCACTCGTTCTTCACTCGTCGTCTAAGT  6723
```

```
Db  8942  TGAAGGCTGTACACTGCACGAATGGAAGAGGCCACCTGTCCCAGAAAAAGCATCATGGCTA  8883
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  7771  TCTGTGGGTAGTATGATGGGCTGTGTTTTTAGCAGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGGTT  7830

Db  8882  TCTGTGGGTAGTATGATGGGCTGTGTTTTTAGCAGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGGTT  8823
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  7831  GTGAAGAGGTGTGTTTTTCTCAATTGGCATGCAATGCGTCATACAGATTTGCAAAGTTTAATG  7890

Db  8822  GTGAAGAGGTGTGTTTTTCTCAATTGGCATGCAATGCGTCATACAGATTTGCAAAGTTTAATG  8763
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  7891  GTGCCTTCATTTGGGATGCTACTCTAGTATTCCAGAACCTGAAGAATCACAATAATTTTCT  7950

Db  8762  GTGCCTTCATTTGGGATGCTACTCTAGTATTCCAGAACCTGAAGAATCACAATAATTTTCT  8703
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  7951  ACCTGGTCTCTCCTTGTTCTGATAATGAAAATTATGATTAAGGATGATAAAAGCACTTACT  8010

Db  8702  ACCTGGTCTCTCCTTGTTCTGATAATGAAAATTATGATTAAGGATGATAAAAGCACTTACT  8643
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  8011  TCGTGTCCACTCTTCTGAGCACCTACTTACATGCATTACTGCATGCACTTCTTACAATA  8070

Db  8642  TCGTGTCCGACTCTCTGAGCACCTACTTACATGCATTACTGCATGCACTTCTTACAATA  8583
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  8071  ATTCTATGAGATAGGTACTATTATCCCCATTTCTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGTAGG  8130

Db  8582  ATTCTATGAGATAGGTACTATTATCCCCATTTCTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGTAGG  8523
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  8131  CCGGGCACGGTGGCTCACGCCTGTAATCCCAGCACTTTGGGAGGCCGAAGCGGGTGGATC  8190

Db  8522  CCGGGCACGGTGGCTCACGCCTGTAATCCCAGCACTTTGGGAGGCCGAAGCGGGTGGATC  8463
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  8191  ACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCCTGGCTAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAA  8250

Db  8462  ACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCCTGGCTAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAA  8403
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  8251  ATACAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGCGCGCGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGGAGGCT  8310

Db  8402  ATACAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGCGCAGGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGGAGGCT  8343
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  8311  GAGGCAGGAGAATGGCATGAACCCAGGAGGCAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTTGCGCCA  8370

Db  8342  GAGGCAGGAGAATGGCATGAACCCAGGAGGCAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTTGCGCCA  8283
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  8371  CTGCACTCCAGCCTGGGCGACAGAGTGAGACTCCATCTCAAAAAATAAAAATAAAAATA  8430

Db  8282  CTGCACTCCAGCCTGGGCGACAGAGTGAGACTCCATCTCAAAAAATAAAAATAAAAATA  8223
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  8431  AAAAATGAAAAAAGAAAGAAAGTGAAGTATAGAGTTTGTCAGTGATAGA  8490

Db  8222  AAAAATGAAAAAAGAAAGAAAGTGAAGTATAGAGTTTGTCAGTGATAGA  8163
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  8491  AACAGGTTTCAAACTCAGTCAATCTGACCCGTTGATACATTCTTCTTCTGTCTCATT  8550

Db  8162  AACAGGTTTCAAACTCAGTCAATCTGACCCGTTGATACATTCTTCTTCTGTCTCATT  8103
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  8551  GTAGTTTAGATGCCTAGAATAAATAGAGAAGGGAACAGCGTCCTGGAATGTGACTCCC  8610

Db  8102  GTAGTTTAGATGCCTAGAATAAATAGAGAAGGGAACAGCGTCCTGGAATGTGACTCCC  8043
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  8611  GTGTTTCTTCTCTGTGGCTCTCTTTGGCATTCTTCTTGTGGACCTACGGACCACCAACTGA  8670

Db  8042  GTGTTTCTTCTCTGTGGCTCTCTTTGGCATTCTTCTTGTGGACCTACGGACCACCAACTGA  7983
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  8671  TTTGCTCCTCTGTTGCTCTCTTTGGCATTCTTCTTTGGACCCTACGCAAGGGACTGTAAT  8730

Db  7982  TTTGCTCCTCTGTTGCTCTCTTTGGCATTCTTCTTTGGACCCTACGCAAGGGACTGTAAT  7923
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  8731  TTGCTCCTCTGTTGCCCTGCTCGGCTTCACACACGGTGTCCTCCCTAGGCCAGTG  8790

Db  7922  TTGCTCCTCTGTTGCCCTGCTCGGCTTCACACACGGTGTCCTCCCTAGGCCAGTG  7863
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  8791  TGGTGGGACAGCTAGTGCGCCTGCCCTGCTCGGCTTCACACACGGTGTCCTCCCTAGGCCAGTG  8850
```

```
REFERENCE    Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
             Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
             1 (bases 1 to 246282)
AUTHORS      Ruddy,D.A., Kronmal,G.S., Lee,V.K., Mintier,G.A., Quintana,L.,
             Domingo,R. Jr., Meyer,N.C., Irrinke,A., McClelland,E., Fullan,A.,
             Mapa.F.A., Moore,T., Thomas,W., Loeb,D.B., Harmon,C.,
             Tsuchihashi,Z., Wolff,R.K., Schatzman,R.C. and Feder,J.N.
TITLE        A 1.1 megabase transcript map of the hereditary hemochromatosis
             locus
JOURNAL      Unpublished
REFERENCE    2 (bases 1 to 246282)
AUTHORS      Ruddy,D.A., Kronmal,G.S., Lee,V.K., Mintier,G.A., Quintana,L.,
             Domingo,R. Jr., Meyer,N.C., Irrinke,A., McClelland,E. Fullan,A.,
             Mapa,F.A., Moore,T., Thomas,W., Loeb,D.B., Harmon,C.,
             Tsuchihashi,Z., Wolff,R.K., Schatzman,R.C. and Feder,J.N.
TITLE        Direct Submission
JOURNAL      Submitted (26-FEB-1997) Sequencing, Mercator Genetics, 4040
             Campbell Avenue, Menlo Park, CA 94025, USA
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..246282
                     /organism="Homo sapiens"
                     /db_xref="taxon:9606"
                     /clone="pac222k22; pac75i14;  bac132a2"
     repeat_region   complement(1231..1501)
                     /rpt_type=dispersed
                     /rpt_family="Alu"
     repeat_region   3528..3676
                     /rpt_type=dispersed
                     /rpt_family="MER3"
     repeat_region   4056..4304
                     /rpt_type=dispersed
                     /rpt_family="Alu"
     repeat_region   complement(5496..5780)
                     /rpt_type=dispersed
                     /rpt_family="Alu"
     repeat_region   6032..6461
                     /rpt_type=dispersed
                     /rpt_family="Alu"
     repeat_region   8203..8463
                     /rpt_type=dispersed
                     /rpt_family="Alu"
     repeat_region   8507..8616
                     /rpt_type=dispersed
                     /rpt_family="MSTAR"
     repeat_region   complement(8888..9194)
                     /rpt_type=dispersed
                     /rpt_family="Alu"
     repeat_region   complement(9523..9792)
                     /rpt_type=dispersed
                     /rpt_family="Alu"
     repeat_region   10109..10375
                     /rpt_type=dispersed
                     /rpt_family="MSTAR"
     repeat_region   complement(10384..10680)
                     /rpt_type=dispersed
                     /rpt_family="Alu"
     repeat_region   11482..11742
                     /rpt_type=dispersed
                     /rpt_family="Alu"
     repeat_region   complement(12899..13326)
                     /rpt_type=dispersed
                     /rpt_family="Alu"
     repeat_region   15021..15309
                     /rpt_type=dispersed
                     /rpt_family="Alu"
     repeat_region   complement(15450..15714)
                     /rpt_type=dispersed
                     /rpt_family="Alu"
     CDS             complement(16434..16826)
                     /codon_start=1
                     /product="histone 2A-like protein"
                     /protein_id="AAB82086.1"
                     /db_xref="GI:2088554"
```

```
Qy   9931 TGTAAGACATTGGTTATTTACCAGCAAACCATTCTGAAAGCATATGACAAATTATTTCT 9990
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6722 TGTAAGACATTGGTTATTTACCAGCAAACCATTCTGAAAGCATATGACAAATTATTTCT 6663

Qy   9991 CTCTTAATATCTTACTATACTGAAAGCAGACTGCTATAAGGCTTCACTTACTCTTCTACC 10050
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6662 CTCTTAATATCTTACTATACTGAAAGCAGACTGCTATAAGGCTTCACTTACTCTTCTACC 6603

Qy  10051 TCATAAGGAATATGTTACAATTAATTAATTTATTAGGTAAGCATTGTTTATATTGGTTTTAT 10110
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6602 TCATAAGGAATATGTTACAATTAATTAATTTATTAGGTAAGCATTGTTTATATTGGTTTTAT 6543

Qy  10111 TTCACCTGGGCTGAGATTTCAAGAAACACCCCAGTCTTCACAGTAACACATTCACTAAC 10170
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6542 TTCACCTGGGCTGAGATTTCAAGAAACACCCCAGTCTTCACAGTAACACATTTCACTAAC 6483

Qy  10171 ACATTTACTAAACATCAGCAACTGTGGCCTGTTAATTTTTTAATAGAAATTTTAAGTCC 10230
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6482 ACATTTACTAAACATCAGCAACTGTGGCCTGTTAATTTTTTAATAGAAATTTTAAGTCC 6423

Qy  10231 TCATTTTCTTTCGGTGTTTTTTAAGCTTAATTTTTCTGGCTTTATTCATAAATTCTTAAG 10290
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6422 TCATTTTCTTTCGGTGTTTTTTAAGCTTAATTTTTCTGGCTTTATTCATAAATTCTTAAG 6363

Qy  10291 GTCAACTACATTGAAAAATCAAAGACCTGCATTTTAAATTCTTATTCACCTCTGGCAA 10350
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6362 GTCAACTACATTGAAAAATCAAAGACCTGCATTTTAAATTCTTATTCACCTCTGGCAA 6303

Qy  10351 ACCATTCACAAACCATGTAGTAAAGAGAGGGTGACACCTGGTGGCCATAGGTAAATGT 10410
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6302 ACCATTCACAAACCATGGTAGTAAAGAGAGGGTGACACCTGGTGGCCATAGGTAAATGT 6243

Qy  10411 ACCACGTGGTCCGGTGACCAGAGATGCAGCCGCTGAGGGTTTCCTGAAGGTAAAGGAAT 10470
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6242 ACCACGGTGGTCCGGTGACCAGAGATGCAGCCGCTGAGGGTTTCCTGAAGGTAAAGGAAT 6183

Qy  10471 AAGAATGGGTGGAGGGGCGTGCACTGGAAATCACTTGTAGAGAAAAGCCCCTGAAAATT 10530
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6182 AAGAATGGGTGGAGGGGCGTGCACTGGAAATCACTTGTAGAGAAAAGCCCCTGAAAATT 6123

Qy  10531 TGAGAAAACAAAGAAAACTACTTACCAGCTATTGAATTGCTGGAATCACAGGCCATT 10590
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6122 TGAGAAAACAAAGAAAACTACTTACCAGCTATTGAATTGCTGGAATCACAGGCCATT 6063

Qy  10591 GCTCAGCTGCCTGAACTGGGAACACAACACAGAAGGAAAACAAACCACTCTGATAATCATTG 10650
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6062 GCTGAGCTGCCTGAACTGGGAACACAACACAGAAGGAAAACAAACCACTCTGATAATCATTG 6003

Qy  10651 AGTCAAGTACAGCAGGTGATTCGAGGACTGCTGAGGGTACAGGCCAAAATTCTTATGTTG 10710
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6002 AGTCAAGTACAGCAGGTGATTCGAGGACTGCTGAGGGTACAGGCCAAAATTCTTATGTTG 5943

Qy  10711 TATTATAATAAGTGCATCTTATAAATACTGTCCAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACT 10770
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5942 TATTATAATAAGTGCATCTTATAAATACTGTCAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACT 5883

Qy  10771 CACACACATTTAAAAACAAAACACTGCTCTCAAAATCCCCAAATTTTTCATAAAC 10825
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5882 CACACACATTTAAAAACAAAACACTGTCTCTCAAAATCCCCAAATTTTTCATAAAC 5828
```

```
RESULT    6
HSU91328/C
LOCUS       HSU91328    246282 bp    DNA              PRI       30-OCT-1997
DEFINITION  Human hereditary haemochromatosis region, histone 2A-like protein
            gene, hereditary haemochromatosis (HLA-H) gene, RoRet gene, and
            sodium phosphate transporter (NPT3) gene, complete cds.
ACCESSION   U91328
VERSION     U91328.1  GI:2088550
KEYWORDS    .
SOURCE      human.
ORGANISM    Homo sapiens
```

```
                    /translation="MSGRGKQGGKARAKAKSRSSRAGLQFPVGRVHRLLRKGNYAERV
                    GAGAPVYLAAVLEYLTAEILELAGNAARDNKKTRIIPRHLQLAIRNDEELNKLLGRVT
                    IAQGGVLPNIQAVLLPKKTESHHKAKGK"
repeat_region       complement(18988..19282)
                    /rpt_type=dispersed
                    /rpt_family="Alu"
repeat_region       complement(20597..20869)
                    /rpt_type=dispersed
                    /rpt_family="Alu"
repeat_region       complement(24343..24624)
                    /rpt_type=dispersed
                    /rpt_family="Alu"
repeat_region       25654..25805
                    /rpt_type=dispersed
                    /rpt_family="MIR"
repeat_region       29842..29938
                    /rpt_type=dispersed
                    /rpt_family="Alu"
repeat_region       complement(30592..30869)
                    /rpt_type=dispersed
                    /rpt_family="Alu"
repeat_region       31223..31507
                    /rpt_type=dispersed
                    /rpt_family="Alu"
repeat_region       complement(31819..32011)
                    /rpt_type=dispersed
                    /rpt_family="Alu"
repeat_region       33810..34150
                    /rpt_type=dispersed
                    /rpt_family="MER1"
repeat_region       34235..34314
                    /rpt_type=dispersed
                    /rpt_family="Alu"
repeat_region       complement(35768..36062)
                    /rpt_type=dispersed
                    /rpt_family="Alu"
repeat_region       complement(36267..36548)
                    /rpt_type=dispersed
                    /rpt_family="Alu"
repeat_region       39133..39252
                    /rpt_type=dispersed
                    /rpt_family="Alu"
repeat_region       complement(40045..40645)
                    /rpt_type=dispersed
                    /rpt_family="Alu"
repeat_region       40960..41246
                    /rpt_type=dispersed
                    /rpt_family="Alu"
repeat_region       41581..42174
                    /rpt_type=dispersed
                    /rpt_family="Alu"
repeat_region       42432..42541
                    /rpt_type=dispersed
                    /rpt_family="Alu"
repeat_region       44636..44911
                    /rpt_type=dispersed
                    /rpt_family="Alu"
repeat_region       complement(45532..45851)
                    /rpt_type=dispersed
                    /rpt_family="Alu"
gene                complement(46833..53618)
                    /gene="HLA-H"
                    /note="HFE"
CDS                 complement(join(46833..46873,47827..47940,48099..48374,
                    49470..49745,49955..50218,53543..53618))
                    /gene="HLA-H"
                    /codon_start=1
                    /product="hereditary hemochromatosis"
                    /protein_id="AAB82083.1"
                    /db_xref="GI:2088551"
                    /translation="MGPRARPALLLLMLLQTAVLQGRLLRSHSLHYLFMGASEQDLGL
                    SLFEALGYVDDQLFVFYDHESRRVEPRTPWVSSRISSQMWLQLSQSLKGWDHMFTVDF
                    WTIMENHNHSKESHTLQVILGCEMQEDNSTEGYWKYGYDGQDHLEFCPDTLDWRAAEP
```

```
                    RAWPTKLEWERHKIRARQNRAYLERDCPAQLQQLELGRGVLDQQVPPLVKVTHHVTS
                    SVTTLRCRALNYYPQNITMKWLKDKQPMDAKEFEPKDVLPNGDGTYQGWITLAVPPGE
                    EQRYTCQVEHPGLDQPLIVIWEPSGTLVIGVISGIAVFVVILFIGILFIILRKRQG
                    SRGAMGHVLAERE"
repeat_region       complement(48868..49182)
                    /rpt_type=dispersed
                    /rpt_family="Alu"
repeat_region       complement(50599..50888)
                    /rpt_type=dispersed
                    /rpt_family="Alu"
repeat_region       complement(51145..51372)
                    /rpt_type=dispersed
                    /rpt_family="Alu"
repeat_region       51820..51934
                    /rpt_type=dispersed
                    /rpt_family="MER20"
repeat_region       55276..55719
                    /rpt_type=dispersed
                    /rpt_family="Alu"
repeat_region       complement(56085..56461)
                    /rpt_type=dispersed
                    /rpt_family="L1"
repeat_region       complement(56521..56801)
                    /rpt_type=dispersed
                    /rpt_family="Alu"
repeat_region       57660..57815
                    /rpt_type=dispersed
                    /rpt_family="Alu"
repeat_region       58118..58483
                    /rpt_type=dispersed
                    /rpt_family="MLT1"
repeat_region       58672..58900
                    /rpt_type=dispersed
                    /rpt_family="Alu"
repeat_region       complement(59299..59737)
                    /rpt_type=dispersed
                    /rpt_family="LTR2"
repeat_region       complement(65665..66013)
                    /rpt_type=dispersed
                    /rpt_family="LTR2"
repeat_region       66764..67053
                    /rpt_type=dispersed
                    /rpt_family="Alu"
repeat_region       67743..68016
                    /rpt_type=dispersed
```

```
Query Match       69.7%;  Score 7542.4;  DB 97;  Length 246282;
Best Local Similarity  100.0%;  Pred. No. 0;
Matches 10823;  Conservative   0;  Mismatches   0;  Indels   1;  Gaps   1;

Qy      1 TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTTAAATGTATGATTGAATTTTGAAAATCATAAATATTTA 60
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  53978 TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTTAAATGTATGATTGAATTTTGAAAATCATAAATATTTA 53919

Qy     61 AATATCTAAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTTCCCCAATCAACAACACCCCT 120
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  53918 AATATCTAAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTTCCCCAATCAACAACACCCCT 53859

Qy    121 TCAGGATTAAAAACCAAGGGGACACTGGATCACCTAGTGTTTCACAAGCAGGTACCTT 180
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  53858 TCAGGATTAAAAACCAAGGGGACACTGGATCACCTAGTGTTTCACAAGCAGGTACCTT 53799

Qy    181 CTGCTGTAGGAGGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTTGCTTTCACCAGGAAGTT 240
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  53798 CTGCTGTAGGAGGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTTGCTTTCACCAGGAAGTT 53739

Qy    241 TTACTGGCATCCTGAGCCTAGGCAATAGCTGTAGGGTGACTTCTGGAGCCATCCCCG 300
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  53738 TTACTGGCATCTCCTGAGCCTAGGCAATAGCTGTAGGGTGACTTCTGGAGCCATCCCCG 53679

Qy    301 TTTCCCGCCCCCCAAAAGAACGGAGATTTAACGGGGACGTGCGGCCAGAGCTGGGGAA 360
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  53678 TTTCCCGCCCCCCAAAAGAACGGAGATTTAACGGGGACGTGCGGCCAGAGCTGGGGAA 53619
```

Mon Jul. 9 10:09:29 2001

us-09-497-957-3.rge

```
Qy    361 ATGGGGCCCGAGCCAGGCCGGCGGCCGCTTCTCCTGATGCTTGCGAGACCGCGGTCCTG 420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  53618 ATGGGGCCCGAGCCAGGCCGGCGGCCGCTTCTCCTGATGCTTGCGAGACCGCGGTCCTG 53559

Qy    421 CAGGGGGCCTTGCTCGCGGAGGCGTCGGGCGCGAACTAGGGCGCCGCCGGGGGTG 480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  53558 CAGGGGGCCTTGCTCGCGGAGGCGTCGGGCGCGAACTAGGGCGCCGCCGGGGGTG 53499

Qy    481 GAAAAATCGAAACTAGCTTTTCTTTGCGCTTGGGAGTTTGCTAACTTTGGAGGACCTGC 540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  53498 GAAAAATCGAAACTAGCTTTTCTTTGCGCTTGGGAGTTTGCTAACTTTGGAGGACCTGC 53439

Qy    541 TCAACCCTATCCGCAAGCCCCTCCCTACTTTCTGCGCCCCAGGACCCGCTGGAGGAGTGC 600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  53438 TCAACCCTATCCGCAAGCCCCTCCCTACTTTCTGCGCCCCAGGACCCGCTGGAGGAGTGC 53379

Qy    601 CTACCACTGAACTGCAGATAGGGGTGACTTTGGAACCGCCCACTCCCTCCGCCCCCGCTGT 660
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  53378 CTACCACTGAACTGCAGATAGGGGTGACTTTGGAACCGCCCACTCCCTCCGCCCCCGCTGT 53319

Qy    661 TAAATAAATCTCGTAGTTCGTAGTTCTCACTGAGCTGTGCAGTTTTTCCCCAGTCATCCCAAACAGG 720
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  53318 TAAATAAATCTCGTAGTTCGTAGTTCTCACTGAGCTGTGCAGTTTTTCCCCAGTCATCCCAAACAGG 53259

Qy    721 AACTCGGGTTTATTTCCAAATGCAGTGTGCAGTTTTCCCCAGTCATCCCAAACAGG 780
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  53258 AACTCGGGTTTATTTCCAAATGCAGTGTGCAGTTTTCCCCAGTCATCCCAAACAGG 53199

Qy    781 AACTCGGGTTTATTTCCAAATGCAGTGTGCAGTGTCAGTTTTCCCCAGTCATCCCAAACAGG 840
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  53198 AACTCGGGTTTATTTCCAAATGCAGTGTGCAGTGTCAGTTTTCCCCAGTCATCCCAAACAGG 53139

Qy    841 AAGTTCTTCCCTGAGTTGCTTGCCGAGAAGCTGAGGCTGAGGCTGAGCTGAGCAGCAGGATCCGCACGG 900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  53138 AAGTTCTTCCCTGAGTTGCTTGCCGAGAAGCTGAGGCTGAGGCTGAGCTGAGCAGCAGGATCCGCACGG 53079

Qy    901 GGTTTCCACCTTCAGAACGAATGTGGGGCGTGGGGCGTGGCGTTGGGGA 960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  53078 GGTTTCCACCTTCAGAACGAATGTGGGGCGTGGGGCGTGGCGTTGGGGA 53019

Qy    961 TCTGAATTCTTCACCATTCCACCCCACTTTTGTGAGACCTGGGGTGGAGGTCTCTAGGGT 1020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  53018 TCTGAATTCTTCACCATTCCACCCCACTTTTGTGAGACCTGGGGTGGAGGTCTCTAGGGT 52959

Qy   1021 GGGAGGCTCTCGAGAGAGTGCTACCTCGGGGCCTTTCGGGGCCTTGGCAATTGTTCTTTT 1080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  52958 GGGAGGCTCTCGAGAGAGTGCTACCTCGGGGCCTTTCGGGGCCTTGGCAATTGTTCTTTT 52899

Qy   1081 GCCTGGAAAATTAAGTATATGTAGTTTGAACGTTTGAACTGAACAATTCTCTTTTCGG 1140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  52898 GCCTGGAAAATTAAGTATATGTAGTTTGAACGTTTGAACTGAACAATTCTCTTTTCGG 52839

Qy   1141 CTAGGCTTTATTGATTTGCAATGTGCTGTGTAATTAAGAGGCCTTCTCTACAAAGTACTGA 1200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  52838 CTAGGCTTTATTGATTTGCAATGTGCTGTGTAATTAAGAGGCCTTCTCTACAAAGTACTGA 52779

Qy   1201 TAATGAACATGTAAGCAATGCAATGCACTCACTTCATTCATTCATATCTGATCTTATTTGA 1260
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  52778 TAATGAACATGTAAGCAATGCAATGCACTCACTTCATTCATTCATATCTGATCTTATTTGA 52719

Qy   1261 TTTTCACTAGGCATAGGGAGGTAGGAGCTAATAATACGTTTATTTTACTAGAAGTTAACT 1320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  52718 TTTTCACTAGGCATAGGGAGGTAGGAGCTAATAATACGTTTATTTTACTAGAAGTTAACT 52659

Qy   1321 GGAATTCAGATTATATAAATAACTCTTTTCAGGTTACAAAGAACACATAAATAATCTGGTTTTCTG 1380
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  52658 GGAATTCAGATTATATAAATAACTCTTTTCAGGTTACAAAGAACACATAAATAATCTGGTTTTCTG 52599

Qy   1381 ATGTTATTTCAAGTACTACACAGTCGTTCTAATCTTAGTTGACAGTGATTTTGCCCGTAG 1440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  52598 ATGTTATTTCAAGTACTACACAGTCGTTCTAATCTTAGTTGACAGTGATTTTGCCCGTAG 52539
```

```
Qy   1441 TGTAGCACAGTGTTCTGTGGTCACGCGCCTCAGCAGCAGCACTTTGAGTTTTGGTA 1500
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  52538 TGTAGCACAGTGTTCTGTGGTCACGCGCCTCAGCAGCACACTTTGAGTTTTGGTA 52479

Qy   1501 CTACGTGTATCCACATTTCACACATTTCACACTGACAAGATGAGGCATGGGACACGGCCTCCTGG 1560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  52478 CTACGTGTATCCACATTTCACACATTTCACACTGACAAGATGAGGCATGGGACACGGCCTCCTGG 52419

Qy   1561 CAAATTATTCAATGGTACACTGGCTTTGTGTGGCAGAGCTCATGTCTCCACTTCATAGC 1620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  52418 CAAATTATTCAATGGTACACTGGCTTTGTGTGGCAGAGCTCATGTCTCCACTTCATAGC 52359

Qy   1621 TATGATTCTTAAACATCACACTGCATTAGAGGTTGAATAATAAATTCATGTTGAGCAG 1680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  52358 TATGATTCTTAAACATCACACTGCATTAGAGGTTGAATAATAAATTCATGTTGAGCAG 52299

Qy   1681 AAATATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGTCCCAGCCATGTGTTGCACTGTTCAAGCCC 1740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  52298 AAATATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGTCCCAGCCATGTGTTGCACTGTTCAAGCCC 52239

Qy   1741 CAAGGGAGAGAGCAGGGAAACAAGTCTTTACCCTTTGATATTTTGCATTCTAGTGGGAGA 1800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  52238 CAAGGGAGAGAGCAGGGAAACAAGTCTTTACCCTTTGATATTTTGCATTCTAGTGGGAGA 52179

Qy   1801 GATGACAATAAGCAAATGAGCAGAAAGATATACAACATCAGGAAATCATGGGTTGTGTGA 1860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  52178 GATGACAATAAGCAAATGAGCAGAAAGATATACAACATCAGGAAATCATGGGTTGTGTGA 52119

Qy   1861 GAAGCAGAGAAGTCAGGGCAAGTCACTCTGACACTTGAGCAGAGACATGAAGGA 1920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  52118 GAAGCAGAGAAGTCAGGGCAAGTCACTCTGACACTTGAGCAGAGACATGAAGGA 52059

Qy   1921 AATAAGAATGATATTGACTGGGAGCAGTATTTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCCTGGCAAG 1980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  52058 AATAAGAATGATATTGACTGGGAGCAGTATTTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCCTGGCAAG 51999

Qy   1981 TTGGATTAAAAAGCGGGTTTCTCAGCACTACTCATGTGTGTGTGTGTGTGTGGTGTGTGA 2040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  51998 TTGGATTAAAAAGCGGGTTTCTCAGCACTACTCATGTGTGTGTGTGTGTGGTGTGTGA 51939

Qy   2041 CGGCGTGGGGTGGGAAGGGAGGACTACCACTCTGATGTAGGAGTGCTAGCAGTATCCTGT 2100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  51938 CGGCGTGGGGTGGGAAGGGAGGACTACCACTCTGATGTAGGAGTGCTAGCAGTATCCTGT 51879

Qy   2101 CCTCCCTACTCCTAGGTGCTAGGAGCACTCCCCCAGTCTTGACAACCAAAAATGTCTCT 2160
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  51878 CCTCCCTACTCCTAGGTGCTAGGAGCACTCCCCCAGTCTTGACAACCAAAAATGTCTCT 51819

Qy   2161 AAACTTTGCCACATGTCACCTAGTAGACAAACTCCTGGTTAAGAGAGCTCGGGTTGAAAAA 2220
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  51818 AAACTTTGCCACATGTCACCTAGTAGACAAACTCCTGGTTAAGAGAGCTCGGGTTGAAAAA 51759

Qy   2221 AATAAACAGTAGTGCTGCTGGGGAGTAGGAGTAGGCCAAGAGCTCAGGAGAGGA 2280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  51758 AATAAACAGTAGTGCTGCTGGGGAGTAGGAGTAGGCCAAGAGCTCAGGAGAGGA 51699

Qy   2281 GCCACAAACAAGGTTGTGCAGGCGCGCCTGAGGCTCTGGTGTGAATTCTAGCCAAGGAGTA 2340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  51698 GCCACAAACAAGGTTGTGCAGGCGCGCCTGAGGCTCTGGTGTGAATTCTAGCCAAGGAGTA 51639

Qy   2341 ACAGTGATCTGTCTCACAGGCTTTAAAAGATTGCTCTGCTGCCATGTGCATGTGCTGCTATGTGAACGAATG 2400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  51638 ACAGTGATCTGTCTCACAGGCTTTAAAAGATTGCTCTGCTGCCATGTGCATGTGCTGCTATGTGAACGAATG 51579

Qy   2401 AAGGGAGCAACAGTAGTGCCTGAGGAGTAAAAGCAGGAGGAGTAATGGGCTCAGGCAAG 2460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  51578 AAGGGAGCAACAGTAGTGCCTGAGGAGTAAAAGCAGGAGGAGTAATGGGCTCAGGCAAG 51519

Qy   2461 AGGTAGTGGAGTGGGCTGGGTGGGGAACAGAGAAAGGGAGTGACAAACCATTGTCTCTGA 2520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  51518 AGGTAGTGGAGTGGGCTGGGTGGGGAACAGAGAAAGGGAGTGACAAACCATTGTCTCTGA 51459

Qy   2521 TATATTCTGAAGGAGTTGCTGAAGGAGGATTCTATGTTGTGTGAGAAGAAGAATTGG 2580
```

```
Db  50379 ACCCAGGACTGTCATATGGAAGAAGACAGGAGCTGCAACTCACCCTTCACAAATGAGGA 50320
Qy   3661 CCAGACACAGCTGATGGTATGAGTGTATGAGTTGCAGTGTGTGAGCTCAACATCCTGCTCCC 3720
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  50319 CCAGACACAGCTGATGGTATGAGTTGCAGTGTGTGAGCCTCAACATCCTGCTCCC 50260
Qy   3721 CTCCTACTACACATGGTTAAGGCCTGTTGCTGTCTCGCAGTTCACACTCTCTGCACTA 3780
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  50259 CTCCTACTACACATGGTTAAGGCCTGTTGCTGTCTCGCAGTTCACACTCTCTGCACTA 50200
Qy   3781 CCTCTTCATGGGTGCCTCAGAGCAGGACCTTGTCTTTCCTTGTTGGAAGCTTTGGGCTA 3840
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  50199 CCTCTTCATGGGTGCCTCAGAGCAGGACCTTGTCTTTCCTTGTTGGAAGCTTTGGGCTA 50140
Qy   3841 CGTGGATGACCAGCTGTTCGTGTTCTATGATCATGAGAGTCGCCGTGTGGAGCCCCGAAC 3900
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  50139 CGTGGATGACCAGCTGTTCGTGTTCTATGATCATGAGAGTCGCCGTGTGGAGCCCCGAAC 50080
Qy   3901 TCCATGGTTTCCAGTAGAATTCAAGCCAGATGTGCTGCAGTTCAGAGTCTGAA 3960
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  50079 TCCATGGTTTCCAGTAGAATTCAAGCCAGATGTGCTGCAGTTCAGAGTCTGAA 50020
Qy   3961 AGGGTGGGATCACATGTTCACTGTTGACTATTATGGAAAATCACAACCACAG 4020
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  50019 AGGGTGGGATCACATGTTCACTGTTGACTATTATGGAAAATCACAACCACAG 49960
Qy   4021 CAAGGGTATGTGGAGAGGGGCCTCACCTTCCTGAGGTTGTCAGAGCTTTCATCTTTTC 4080
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  49959 CAAGGGTATGTGGAGAGGGGCCTCACCTTCCTGAGGTTGTCAGAGCTTTCATCTTTTC 49900
Qy   4081 ATGCATCTTGAAGGAAACAGCTGGAAGTCTGGAGTCTGTGTGGGAGCAGGGAAG 4140
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  49899 ATGCATCTTGAAGGAAACAGCTGGAAGTCTGGAGTCTGTGTGGGAGCAGGGAAG 49840
Qy   4141 GAATTTGCTTCCTGAGATCATTGGTCCTGGGGATGGTGGAAATAGGGACCTATTCCTT 4200
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  49839 GAATTTGCTTCCTGAGATCATTGGTCCTGGGGATGGTGGAAATAGGGACCTATTCCTT 49780
Qy   4201 TGGTTGCAGTTAACAAGGCTGGGGATTTTCCAGAGTCCACAGTCCCTGCAGTCATCCTG 4260
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  49779 TGGTTGCAGTTAACAAGGCTGGGGATTTTCCAGAGTCCACAGTCCCTGCAGTCATCCTG 49720
Qy   4261 GGCTGTGAAATGCAAGAAGACAACAGTACCGGAAGTACGGGTATGGGTATGATGGG 4320
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  49719 GGCTGTGAAATGCAAGAAGACAACAGTACCGGAAGTACGGGTATGGGTATGATGGG 49660
Qy   4321 CAGGACCACCTTGAATTCTGCCCTGCAGCACTGGAGAGCCAGCAGAACCCAGGCC 4380
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  49659 CAGGACCACCTTGAATTCTGCCCTGCAGCACTGGAGAGCCAGCAGAACCCAGGCC 49600
Qy   4381 TGGCCCACCAAGCTGGAGTGGGAAAGGCACAAGAGATTCGGGCCCAGGCAGCAGGGCCTAC 4440
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  49599 TGGCCCACCAAGCTGGAGTGGGAAAGGCACAAGAGATTCGGGCCCAGGCAGCAGGGCCTAC 49540
Qy   4441 CTGGAGAGGGACTGCCCTGCACAGCTGGGCGAGCTGGGGGAGAGTGTTTTG 4500
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  49539 CTGGAGAGGGACTGCCCTGCACAGCTGGGCGAGCTGGGGGAGAGTGTTTTG 49480
Qy   4501 GACCAACAAGGTATGGTGAAAACACACTTCTGCCCTATACTCTAGTGGCAGAGTGGAGG 4560
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  49479 GACCAACAAGGTATGGTGAAAACACACTTCTGCCCTATACTCTAGTGGCAGAGTGGAGG 49420
Qy   4561 AGTTGCAGGGCACGGAATCCCTGGTTGGAGTTTCAGAGGTGGCTGAGGCTGTGTGCCTC 4620
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  49419 AGTTGCAGGGCACGGAATCCCTGGTTGGAGTTTCAGAGGTGGCTGAGGCTGTGTGCCTC 49360
Qy   4621 TCCAAATTGGGAAGGGACTTTCTCAATCCTAGAGTCTCTACCTTATAATTGAGATGTA 4680
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  49359 TCCAAATTGGGAAGGGACTTTCTCAATCCTAGAGTCTCTACCTTATAATTGAGATGTA 49300
Qy   4681 TGAGACAGCCACAAGTCATGGGTTTAATTTCTTTTCTTTCTCCATGCATATGGCTCAAAGGGAA 4740
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  49299 TGAGACAGCCACAAGTCATGGGTTTAATTTCTTTTCTTTTCTCCATGCATATGGCTCAAAGGGAA 49240
```

```
Db  51458 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy   2581 TATATTCTGAAGGAAGTTGCTGCCAAGGAGGAGGATTCTATGTTGTGTGAGAGAAGAGAATTGG 2640
           CTGGGTGTAGTAGCTCATGCCAAGGAGGAGGATTCTGAGCTCAGGA
Db  51398 CTGGGTGTAGTAGCTCATGCCAAGGAGGAGGATTCTGAGCTCAGGA 51339
Qy   2641 GTTCAAGACCAGCTGGGCAACACAGCCAAAACCCTTCTCTACAAAAATACAAAAAATTA 2700
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  51338 GTTCAAGACCAGCTGGGCAACACAGCCAAAACCCTTCTCTACAAAAATACAAAAAATTA 51279
Qy   2701 GCTGGGTGGTGGTGGCATGCACCTGTGATCCTAGCTACTCGGGAGGCTGAGGTGGAGGTA 2760
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  51278 GCTGGGTGGTGGTGGCATGCACCTGTGATCCTAGCTACTCGGGAGGCTGAGGTGGAGGTA 51219
Qy   2761 TTGCTTGAGCCCAGGAGTTGAGGCTGCAGTGAGCCATGACTGTGCCCACTGTACTTCAGC 2820
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  51218 TTGCTTGAGCCCAGGAGTTGAGGCTGCAGTGAGCCATGACTGTGCCCACTGTACTTCAGC 51159
Qy   2821 CTAGTGACAGAGCAAGACCCTGTCTCCCCTGACCCCTGACCCCCTGACCCCTGAAAGAGAGTTAAAGT 2880
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  51158 CTAGTGACAGAGCAAGACCCTGTCTCCCCTGACCCCCTGACCCCTGAAAGAGAGTTAAAGT 51099
Qy   2881 TGACTTTGTTCTTTATTTAATTTTATTGGCCTCGAGCAGTGGGGTAATTGGCAATGCCAT 2940
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  51098 TGACTTTGTTCTTTATTTAATTTTATTGGCCTCGAGCAGTGGGGTAATTGGCAATGCCAT 51039
Qy   2941 TTCTGAGATGGTGAAGGCAGAGAAAGAGCAGTTGGGGTAAATCAAGGATCTGCATTTG 3000
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  51038 TTCTGAGATGGTGAAGGCAGAGAAAGAGCAGTTGGGGTAAATCAAGGATCTGCATTT- 50978
Qy   3001 GGACATGTTAAGTTTGAGATTCCAGTCCAGGCTTCAGGCTTCCAAGTGGTCCACCACATAGGCAGTT 3060
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  50979 GGACATGTTAAGTTTGAGATTCCAGTCCAGGCTTCCAAGTGGTCCACCACATAGGCAGTT 50920
Qy   3061 CAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGGCACGGTGGCTCACTTCTGTAATCCCAGCACT 3120
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  50919 CAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGGCACGGTGGCTCACTTCTGTAATCCCAGCACT 50860
Qy   3121 TTGGTTGGCTGAGGCGTAGATCATTTGAGGTCAGGAGTTTGAGCAAGCTTGGCCAACA 3180
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  50859 TTGGTTGGCTGAGGCGTAGATCATTTGAGGTCAGGAGTTTGAGCAAGCTTGGCCAACA 50800
Qy   3181 TGGTGAAACCCCATGTCTACTACTAAAAATACAAAAAATTAGCCTGGTGTGGTGGCGCACGCCT 3240
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  50799 TGGTGAAACCCCATGTCTACTACTAAAAATACAAAAAATTAGCCTGGTGTGGTGGCGCACGCCT 50740
Qy   3241 ATAGTCCCAGGTTTTCAGGAGGCTTAGGTAGGAGAATCCCTTGAACCCAGGAGGTGCAGG 3300
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  50739 ATAGTCCCAGGTTTTCAGGAGGCTTAGGTAGGAGAATCCCTTGAACCCAGGAGGTGCAGG 50680
Qy   3301 TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGATAGAGTGAGACTCTGT 3360
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  50679 TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGATAGAGTGAGACTCTGT 50620
Qy   3361 CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATTTGG 3420
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  50619 CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATTTGG 50560
Qy   3421 TCTAATTTGCCCTGAGTTCAACTACCATGGCTAGACACCTTAAC 3480
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  50559 TCTAATTTGCCCTGAGTTCAACTACCATGGCTAGACACCTTAAC 50500
Qy   3481 ATTTTCTAGAATCCACCACAGCTTTAGTGGAGTCTGTCTAATCATGAATATTGGAATAGGAT 3540
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  50499 ATTTTCTAGAATCCACCACAGCTTTAGTGGAGTCTGTCTAATCATGAATATTGGAATAGGAT 50440
Qy   3541 CTGGGGCAGTGAGGGTGGTGGCAGCCACCGTGTGCAGAGAAAGCCACACAAGGAAAGAGC 3600
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  50439 CTGGGGCAGTGAGGGTGGTGGCAGCCACGTGTGCAGAGAAAGCCACACAAGGAAAGAGC 50380
Qy   3601 ACCCAGGACTGTCATATGGAAGAAGACAGGAGCTGCAACTCACCCTTCACAAATGAGGA 3660
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Qy   4741 GTGTCTATGGGCCCTTGCTTTTTATTTAATTTAACCAATAATCTTTTGTATATTATATACCTGTTAA 4800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  49239 GTGTCTATGGGCCCTTGCTTTTTATTTAATTTAACCAATAATCTTTTGTATATTATATACCTGTTAA 49180

Qy   4801 AAATTCAGAAATGTCAAGGCCGGCACGGTGGCTCACCCCTGTAATCCCAGCACTTTGGG 4860
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  49179 AAATTCAGAAATGTCAAGGCCGGCACGGTGGCTCACCCCTGTAATCCCAGCACTTTGGG 49120

Qy   4861 AGGCCGAGGCGGGCGGATCACGAGGTCAGGAGTTCGAGACCAGCCTGACCAACATGGTGAA 4920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  49119 AGGCCGAGGCGGGCGGATCACGAGGTCAGGAGTTCGAGACCAGCCTGACCAACATGGTGAA 49060

Qy   4921 ACCCGTCTCTAAAAATACAAAAATTAGCTGGGTCACAGTTCATGCGCACCTGTAGTCCCA 4980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  49059 ACCCGTCTCTAAAAATACAAAAATTAGCTGGGTCACAGTTCATGCGCACCTGTAGTCCCA 49000

Qy   4981 GCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGAGCATCGCTTGAACCTGGAAGCGGAGGTTGCACTGA 5040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  48999 GCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGAGCATCGCTTGAACCTGGAAGCGGAGGTTGCACTGA 48940

Qy   5041 GCCAAGATCGCGCCACTGCACTCCAGCCTGGGCGACAGAGTGAGACTCCATCTTAAAAAA 5100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  48939 GCCAAGATCGCGCCACTGCACTCCAGCCTGGGCGACGAGTGAGACTCCATCTTAAAAAA 48880

Qy   5101 AAAAAAAAAAAAAGAGAATTCAGAGATCTCAGCTATCATATGAATACCAGGACAAA 5160
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  48879 AAAAAAAAAAAAAGAGAATTCAGAGATCTCAGCTATCATATGAATACCAGGACAAA 48820

Qy   5161 ATATCAAGTGAGGCCACTTATCATCAGAGAAGAATCCTTTAGGTTAAAGTTTCTTTCAT 5220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  48819 ATATCAAGTGAGGCCACTTATCATCAGAGAAGAATCCTTTAGGTTAAAGTTTCTTTCAT 48760

Qy   5221 AGAACATAGCAATAATCACTGAAGCTACCTATCTTACAGAGTCCCGCTTCTTATAACAATGC 5280
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  48759 AGAACATAGCAATAATCACTGAAGCTACCTATCTTACAGAGTCCCGCTTCTTATAACAATGC 48700

Qy   5281 CTCCTAGGTTGACCCAGGTGAAACTGACCATCTGTATTCAATCATTTCAATGCACATAA 5340
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  48699 CTCCTAGGTTGACCCAGGTGAAACTGACCATCTGTATTCAATCATTTCAATGCACATAA 48640

Qy   5341 AGGGCAATTTTATCTATCAGAACAAAGAACAATGGTAACAGATATGTATATTTACATGTG 5400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  48639 AGGGCAATTTTATCTATCAGAACAAAGAACAATGGTAACAGATATGTATATTTACATGTG 48580

Qy   5401 AGGAGAACAAGCTGATCTGACTGCTCTCCGTAGCTGTCTCCTGTAGCTTGTTCTGTTTTTCTGAAAAGGGTATTTCCTTCCTCC 5460
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  48579 AGGAGAACAAGCTGATCTGACTGCTCTCCGTAGCTGTCTCCTGTAGCTTGTTCTGTTTTTCTGAAAAGGGTATTTCCTTCCTCC 48520

Qy   5461 ACACAAAATGGTGTCTCACGGTCGGCGGCCTGTGCTCTACGGTGTCTCCTGTAGCTTGTTCTGAACTACCCCAGAACATCACCATG 5520
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  48519 ACACAAAATGGTGTCTCACGGTCGGCGGCCTGTGCTCTACGGTGTCTCCTGTAGCTTGTTCTGAACTACCCCAGAACATCACCATG 48460

Qy   5521 AACCTATAGAGGAAGTGAAAGTTCCAGTCTTCCTGGCAGGTAAACATCCCCTCTC 5580
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  48459 AACCTATAGAGGAAGTGAAAGTTCCAGTCTTCCTGGCAGGTAAACATCCCCTCTC 48400

Qy   5581 CTCATCCTTCCTCTTTCCTGTCAAGTGCCTCCTTGGTGAAGGTGACACATCATGTGACC 5640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  48399 CTCATCCTTCCTCTTTCCTGTCAAGTGCCTCCTTGGTGAAGGTGACACATCATGTGACC 48340

Qy   5641 TCTTCAGTGACCACTCACGGTCGGCGGCCTGTCGGCCTTGAACTACTACCCCAGAACATCACCATG 5700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  48339 TCTTCAGTGACCACTCACGGTCGGCGGCCTGTCGGCCTTGAACTACTACCCCAGAACATCACCATG 48280

Qy   5701 AAGTGGCTGAAGGATAAGCAGCCAATGGATGTCCAAGGACTTCGAACCTAAAGACGTATTG 5760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  48279 AAGTGGCTGAAGGATAAGCAGCCAATGGATGTCCAAGGACTTCGAACCTAAAGACGTATTG 48220

Qy   5761 CCCAATGGGATGGGATGTGGGACCTACCAGGGCTGGATAACCTTGGCTGTTACCCCTGGGGGAAGAG 5820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  48219 CCCAATGGGATGGGATGTGGGACCTACCAGGGCTGGATAACCTTGGCTGTTACCCCTGGGGGAAGAG 48160
```

```
Qy   5821 CAGAGATATACGTACCAGGTTGGAGCACCCAGGCCTGGATCAGCCCCTCATTGTGATCTGG 5880
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  48159 CAGAGATATACGTGCCAGGTTGGAGCACCCAGGCCTGGATCAGCCCCTCATTGTGATCTGG 48100

Qy   5881 GGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGCTGAGAGAAATCTATTGGGGGTTGAGAGGAGTGCC 5940
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  48099 GGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGCTGAGAGAAATCTATTGGGGGTTGAGAGGAGTGCC 48040

Qy   5941 TGAGGAGGTAATTATGGCAGTGAGATGAGGATCTGCTCTTGTTTCTGTTTGTTAGGGGGTGGGGCTGAGG 6000
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  48039 TGAGGAGGTAATTATGGCAGTGAGATGAGGATCTGCTCTTGTTTCTGTTTGTTAGGGGGTGGGGCTGAGG 47980

Qy   6001 GTGGCAATCAAAGGCTTAACTTGCTTTCTGTTTCTGTTTTTAGAGCCCCTCACCCTCTGCCACCC 6060
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  47979 GTGGCAATCAAAGGCTTAACTTGCTTTCTGTTTCTGTTTTTAGAGCCCCTCACCGTCTGCCACCC 47920

Qy   6061 TAGTCATTGGAGTCATCAGTGGAATTGCTGTTTTTGTCGTTCATCTTGTTCATTGGAATTT 6120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  47919 TAGTCATTGGAGTCATCAGTGGAATTGCTGTTTTTGTCGTTCATCTTGTTCATTGGAATTT 47860

Qy   6121 TGTTCATAATATTAAGGAGAGGCAGGGTTCAAGTGAGTAGGAGGGCAAGGGGAAGTCTCT 6180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  47859 TGTTCATAATATTAAGGAGAGGCAGGGTTCAAGTGAGTAGGAGGGCAAGGGGAAGTCTCT 47800

Qy   6181 TAGTACCTCTCCCCAGGGCACAGTGGGAGGGGCAGAGGGGATCTGGCATCCATGGG 6240
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  47799 TAGTACCTCTCCCCAGGGCACAGTGGGAGGGGCAGAGGGGATCTGGCATCCATGGG 47740

Qy   6241 AAGCATTTTCTCATTTATATTCTTTGGGGACACCAGCAGCTCCCTGGGACAGACAGAAAAT 6300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  47739 AAGCATTTTCTCATTTATATTCTTTGGGGACACCAGCAGCTCCCTGGGACAGACAGAAAAT 47680

Qy   6301 AATGGTTCTCCCCAAATGAAAGTCTCTAATTCAACAAACATCTTCAGAGCACCTACTAT 6360
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  47679 AATGGTTCTCCCCAAATGAAAGTCTCTAATTCAACAAACATCTTCAGAGCACCTACTAT 47620

Qy   6361 TTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTAGTACAGGGGCTTTGAGGTTGAGAGTCACTGTGCTAT 6420
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  47619 TTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTAGTACAGGGGCTTTGAGGTTGAGAGTCACTGTGCTAT 47560

Qy   6421 TCTCAGAACCCAAATCTGGTAGGAGGAATGAAATTGATAGCAAGTAAATGTAGTTAAAGAAG 6480
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  47559 TCTCAGAACCCAAATCTGGTAGGAGGAATGAAATTGATAGCAAGTAAATGTAGTTAAAGAAG 47500

Qy   6481 ACCCCATGAGGTCCTAAAGCAGCAGGAGAAGCAGCAAATGCTTAGGGTGTCAAAGGAAAGAATG 6540
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  47499 ACCCCATGAGGTCCTAAAGCAGCAGGAGAAGCAGCAAATGCTTAGGGTGTCAAAGGAAAGAATG 47440

Qy   6541 ATCACATTCAGCTGGGATCGGAATAGCCTTCAGATACTCTTGAAGGAGAACTGGATTCCA 6600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  47439 ATCACATTCAGCTGGGATCGGAATAGCCTTCAGATACTCTTGAAGGAGAACTGGATTCCA 47380

Qy   6601 TTAGGTGAGGTTGAAGATGATGAGGAGGTTGAGATCTACACAGAGGACGCAACCATGCCAAGTAGGA 6660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  47379 TTAGGTGAGGTTGAAGATGATGAGGAGGTTGAGATCTACACAGAGGACGCAACCATGCCAAGTAGGA 47320

Qy   6661 GAGTATAAGGCATACTGGGAGGATTAGAAATAATTACTGTACCCTGAGTTTGCGT 6720
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  47319 GAGTATAAGGCATACTGGGAGGATTAGAAATAATTACTGTACCCTGAGTTTGCGT 47260

Qy   6721 AGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCTACCCCTGGTGTAGGGAAAAGA 6780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  47259 AGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCTACCCCTGGTGTAGGGAAAAGA 47200

Qy   6781 GAATCAGAAAGAAGCCAGTCATCATTACAGATCTCAAGGGTCTTTTGGGATATTGGGTTATGA 6840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  47199 GAATCAGAAAGAAGCCAGTCATCATTACAGATCTCAAGGGTCTTTTGGGATATTGGGTTATGA 47140

Qy   6841 TCACTGGGGTGTCATTGAAGGATCCTGATAACCTTGGCTGTTGAAGGAGAG 6900
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  47139 TCACTGGGGTGTCATTGAAGGATCCTGATAACCTTGGCTGTTGAAGGAGAG 47080

Qy   6901 AATGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGAGGTGAGAGGACCCAGTTAGAAAGCCAATAAGCAT 6960
```

```
Db 45999 ATTATGATAAGGATGATAAAGCACTTACTTCGTGTCCGACTCTTCTGAGCACCTACTTA 45940
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  8041 CATGCATTACTGCATGCACTCTTCTACATAATTCATGAGATAGTACTATTATCCCCAT 8100
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 45939 CATGCATTACTGCATGCACTCTTCTACATAATTCATGAGATAGTACTATTATCCCCAT 45880

Qy  8101 TTCTTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGTAGGCGGGCACGGTGGCTCACGCCTGTAATCCC 8160
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 45879 TTCTTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGTAGGCGGGCACGGTGGCTCACGCCTGTAATCCC 45820

Qy  8161 AGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGGTGGATCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCCTGGC 8220
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 45819 AGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGGTGGATCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCCTGGC 45760

Qy  8221 TAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAATTAGCTGGGCGGTGGTGCAG 8280
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 45759 TAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAATTAGCTGGGCGGTGGTGCAG 45700

Qy  8281 ACGCCTGTAGTCCCAGCTACTGGGAAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCGTGAACCCAGGAGG 8340
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 45699 ACGCCTGTAGTCCCAGCTACTGGGAAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCGTGAACCCAGGAGG 45640

Qy  8341 CAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTGCGCCACTGCACTCCAGCCTGGGCGACAGAGTGAGA 8400
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 45639 CAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTGCGCCACTGCACTCCAGCCTGGGCGACAGAGTGAGA 45580

Qy  8401 CTCCATCTCAAAAAATAAAAATAAAAATAAAAATGAAAAAAAAGAAAGTGAAGTA 8460
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 45579 CTCCATCTCAAAAAATAAAAATAAAAATAAAAATGAAAAAAAAGAAAGTGAAGTA 45520

Qy  8461 TAGAGTATCTCATAGTTTGTCAGTGATAGAAACAGGTTCAAACTCAGTCAATCTGACCG 8520
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 45519 TAGAGTATCTCATAGTTTGTCAGTGATAGAAACAGGTTCAAACTCAGTCAATCTGACCG 45460

Qy  8521 TTTGATACATCTTCAGACACCACTACATTCAGTAGTTTAGATGCCTAGAATAAATAGAGAA 8580
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 45459 TTTGATACATCTTCAGACACCACTACATTCAGTAGTTTAGATGCCTAGAATAAATAGAGAA 45400

Qy  8581 GGAAGGAGATGGCTTCTCTGAGTGAGCTTGAATCACAT 8640
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 45399 GGAAGGAGATGGCTTCTCTGAGTGAGCTTGAATCACAT 45340

Qy  8641 GAAGGGGAACAGCAGAAAACAACCAACTGATCCTCAGCTGTCATGTTTCCTTTAAAAGTC 8700
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 45339 GAAGGGGAACAGCAGAAAACAACCAACTGATCCTCAGCTGTCATGTTTCCTTTAAAAGTC 45280

Qy  8701 CCTGAAGGAAGCTCCTGGAATGCCTGGATTCTTGCTCCTCGTTCTTGGCATTCA 8760
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 45279 CCTGAAGGAAGCTCCTGGAATGCCTGGATTCTTGCTCCTCGTTCTTGGCATTCA 45220

Qy  8761 TTTCTTTGGACCCTACGCAAGGACTGTAATTGGTGGGGACAGCTAGTTGGCCCCGCTCGGGC 8820
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 45219 TTTCTTTGGACCCTACGCAAGGACTGTAATTGGTGGGGACAGCTAGTTGGCCCCGCTCGGGC 45160

Qy  8821 TTCACACACGGTGTCCTCCCGAGTGCCTCTCGGAGTTGGTTCTGGTTGTATTTC 8880
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 45159 TTCACACACGGTGTCCTCCCGAGTGCCTCTCGGAGTTGGTTCTGGTTGTATTTC 45100

Qy  8881 CCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCCATTTGAGATGGTATAATGGAAGCCACCAAGTG 8940
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 45099 CCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCCATTTGAGATGGTATAATGGAAGCCACCAAGTG 45040

Qy  8941 GCTTAGGAGATGCCCAGGTCCTTCCATGGAATGCACATTAAAAAA 9000
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 45039 GCTTAGGAGATGCCCAGGTCCTTCCATGGAATGCACATTAAAAAA 44980

Qy  9001 AAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCTAGATTCTGGAAATCAGTTCACCATGTCA 9060
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 44979 AAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCTAGATTCTGGAAATCAGTTCACCATGTCA 44920

Qy  9061 AAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTTTTTTGAGACTCTTATTGCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCATGAT 9120
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 44919 AAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTTTTTTGAGACTCTTATTGCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCATGAT 44860
```

```
Db 47079 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
         AATGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGAGCTGTAGATGAGAGTGAGGAGGACCAGTTGAGAAAGCCAATAAGCAT 47020

Qy  6961 TTCCAGATGAGAGATAATGGTTCTTGAAATCCAATAGTGCCCAGGTCTAAATTGAGATGG 7020
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 47019 TTCCAGATGAGAGATAATGGTTCTTGAAATCCAATAGTGCCCAGGTCTAAATTGAGATGG 46960

Qy  7021 GTGAATGAGGAAAATAAGGAAGAGAGAGGAGGCAAGATGGTGCCGGGTTGTGATGCCT 7080
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 46959 GTGAATGAGGAAAATAAGGAAGAGAGAGGAGGCAAGATGGTGCCGGGTTGTGATGCCT 46900

Qy  7081 CTTTCCTGGGTCTCTGTCTCCCACGAGGAGGCCATGGGCACTACGTCTTAGCTGAACG 7140
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 46899 CTTTCCTGGGTCTCTGTCTCCCACGAGGAGGCCATGGGCACTACGTCTTAGCTGAACG 46840

Qy  7141 TGAGTGACACGCAGCCTGCAGACTCACTGGGAAGGAGACAAAACTAGAGACTCAAAGA 7200
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 46839 TGAGTGACACGCAGCCTGCAGACTCACTGGGAAGGAGACAAAACTAGAGACTCAAAGA 46780

Qy  7201 GGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCAGGAGGAGAGTTGAACCTAAACATAGAAATT 7260
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 46779 GGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCAGGAGGAGAGTTGAACCTAAACATAGAAATT 46720

Qy  7261 GCCTGACGAACTCCTTGATTTTAGCCTTCTCTGTTCATTTCCTCAAAAAGATTTCCCCAT 7320
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 46719 GCCTGACGAACTCCTTGATTTTAGCCTTCTCTGTTCATTTCCTCAAAAAGATTTCCCCAT 46660

Qy  7321 TTAGGTTTCTGAGTTCCTGCATGCCGGTGATCCCTAGCTGTGACCTCTCCCCTGGAACTG 7380
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 46659 TTAGGTTTCTGAGTTCCTGCATGCCGGTGATCCCTAGCTGTGACCTCTCCCCTGGAACTG 46600

Qy  7381 TCTCTCATGAACCTCAAGCTGCATCTAGAGGCTTCCTTCATTTCCGTCACCTCAGAG 7440
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 46599 TCTCTCATGAACCTCAAGCTGCATCTAGAGGCTTCCTTCATTTCCGTCACCTCAGAG 46540

Qy  7441 ACATACACCTATGTCATTTCATTTCCTATTTTGGAAGAGGACTCCTAAATTGGGGGA 7500
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 46539 ACATACACCTATGTCATTTCATTTCCTATTTTGGAAGAGGACTCCTAAATTGGGGGA 46480

Qy  7501 CTTACATGATTCATTTTAACATCTGAGAAAAGTTTGAACCCTGGGACGTGGCTAGTCAT 7560
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 46479 CTTACATGATTCATTTTAACATCTGAGAAAAGTTTGAACCCTGGGACGTGGCTAGTCAT 46420

Qy  7561 AACCTTACCAGATTTTTACACATGTATCCTATGCAATTTCTGGAAGGCTGTACACTGTGACGAATGGAAGAG 7620
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 46419 AACCTTACCAGATTTTTACACATGTATCCTATGCAATTTCTGGAAGGCTGTACACTGTGACGAATGGAAGAG 46360

Qy  7621 TTGAATCCTCTCTGTGTTGTGAAAGGGGTTGTGAAGAGGTGTTTTTCTTAATTGGCATGA 7680
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 46359 TTGAATCCTCTCTGTGTTGTGAAAGGGGTTGTGAAGAGGTGTTTTTCTTAATTGGCATGA 46300

Qy  7681 CATCTGATTGTGATGTGAGTGAGTGCACAGCTATGAAGGCTGTACAACTGCGACGAATGGAAGAG 7740
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 46299 CATCTGATTGTGATGTGAGTGAGTGCACAGCTATGAAGGCTGTACAACTGCGACGAATGGAAGAG 46240

Qy  7741 GCACCTGTCCCAGAAAAAGCCATCATGGCTATCTGTGGGTAGTAGTGATGGGTGTTTTTAGC 7800
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 46239 GCACCTGTCCCAGAAAAAGCCATCATGGCTATCTGTGGGTAGTAGTGATGGGTGTTTTTAGC 46180

Qy  7801 AGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGGTGTTTTTCTAATTGGCATGA 7860
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 46179 AGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGGTGTTTTTCTAATTGGCATGA 46120

Qy  7861 AGGTGTCATACAGATTGCAAAGTTAATGGTTAATGGTCTACTGCTACTCAGTAT 7920
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 46119 AGGTGTCATACAGATTGCAAAGTTAATGGTTAATGGTCTACTGCTACTCAGTAT 46060

Qy  7921 TCCAGACCTGAAGATCAGAATCACAATAATTTTCTACCTGTCTCCTTGTCTGATAATGAAA 7980
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 46059 TCCAGACCTGAAGATCAGAATCACAATAATTTTCTACCTGTCTCCTTGTCTGATAATGAAA 46000

Qy  7981 ATTATGATAAGGATGATAAAGCACTTACTTCGTGTCCGACTCTTCTGAGCACCTACTTA 8040
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Qy     9121 CTCGGCTCACTGTAACCTCTGCCTCCCAGGTTCAAGCGATTCTCCTGTCTCAGCCTCCCA 9180
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    44859 CTCGGCTCACTGTAACCTCTGCCTCCCAGGTTCAAGCGATTCTCCTGTCTCAGCCTCCCA 44800

Qy     9181 AGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCATGCCCGGCTAATTTTTGTATTTTTAGTAGA 9240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    44799 AGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCATGCCCGGCTAATTTTTGTATTTTTAGTAGA 44740

Qy     9241 GACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCTCCTGACCTCGTGATCCGCC 9300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    44739 GACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCTCCTGACCTCGTGATCCGCC 44680

Qy     9301 TGCCTCGGCCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGTGTGAGCCACCGCGCCCAGCCGTCAA 9360
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    44679 TGCCTCCGGCCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGTGTGAGCCACCGCGCCCAGCCGTCAA 44620

Qy     9361 AGAGTCTTAAATATATATATCCAGATGGCATGTGTTTACTTTATGTTACTACATCGCACTTG 9420
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    44619 AGAGTCTTAAATATATATATCCAGATGGCATGTGTTTACTTTATGTTACTACATCGCACTTG 44560

Qy     9421 GCTGCATAAATGTGGTACAAGCATTCTGTCTTGAAGGGCAGGTGCTTCAGGATACCATAT 9480
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    44559 GCTGCATAAATGTGGTACAAGCATTCTGTCTTGAAGGGCAGGTGCTTCAGGATACCATAT 44500

Qy     9481 ACAGCTCAGAAGTTTCTTCTTTAGGCATTAAATTTTAGCAAAGATATCTCATCTCTTCTT 9540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    44499 ACAGCTCAGAAGTTTCTTCTTTAGGCATTAAATTTTAGCAAAGATATCTCATCTCTTCTT 44440

Qy     9541 TTAAACCATTTCTTTTTCTTTTTTGTGGTTAGAAAAGTATGTGTAGAAAAAGTAAATGTGATTT 9600
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    44439 TTAAACCATTTCTTTTTCTTTTTTGTGGTTAGAAAAGTATGTGTAGAAAAAGTAAATGTGATTT 44380

Qy     9601 ACGCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAATGAATACAATTAAAGCTGTTATTTAATTAGCCAG 9660
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    44379 ACGCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAATGAATACAATTAAAGCTGTTATTTAATTAGCCAG 44320

Qy     9661 TGAAAAACTATTAACAACTTGTCTATTACCTGTTAGTATTGTTGCATTAAAAAATGCA 9720
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    44319 TGAAAAACTATTAACAACTTGTCTATTACCTGTTAGTATTGTTGCATTAAAAAATGCA 44260

Qy     9721 TATACTTTAATAAATGTATATTGTATATGTATACTGCCATGATTTTTATTGAAGTTCTTGTTC 9780
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    44259 TATACTTTAATAAATGTATATTGTATATGTATACTGCCATGATTTTTATTGAAGTTCTTGTTC 44200

Qy     9781 ATCTTGTGTATATACTTAATCGCTTTGTCATTTTGGAGACATTTATTTTGCTTGCTTCAATTT 9840
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    44199 ATCTTGTGTATATACTTAATCGCTTTGTCATTTTGGAGACATTTATTTTGCTTGCTTCAATTT 44140

Qy     9841 CTTTACATTTTGTCTTACGGAATATTTTCATTCAACTGTGTAGCCGAATTAATCCTGTT 9900
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    44139 CTTTACATTTTGTCTTACGGAATATTTTCATTCAACTGTGTAGCCGAATTAATCCTGTT 44080

Qy     9901 TCTTCACTCTAGGGACATTGTCGTCTAAGTTGTAAGACATTGGTTATTTTACCAGCAAAC 9960
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    44079 TCTTCACTCTAGGGACATTGTCGTCTAAGTTGTAAGACATTGGTTATTTTACCAGCAAAC 44020

Qy     9961 CATTCTGAAAGCATGACATATGACAAATTATTTCTCCTTAATATCTTAATACTGAAAGCAGA 10020
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    44019 CATTCTGAAAGCATGACATATGACAAATTATTTCTCCTTAATATCTTAATACTGAAAGCAGA 43960

Qy    10021 CTGCTATAAGGCTTCACTTACTCTTCACCTCACCTCATAAGGAATATGTTACAATTAATTTATT 10080
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    43959 CTGCTATAAGGCTTCACTTACTCTTCACCTCACCTCATAAGGAATATGTTACAATTAATTTATT 43900

Qy    10081 AGGTAAGCATTTGTTTTATATTGGTTTATTTCACCTGGGCTGAGATTTCAAGAAACACC 10140
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    43899 AGGTAAGCATTTGTTTTATATTGGTTTATTTCACCTGGGCTGAGATTTCAAGAAACACC 43840

Qy    10141 CCAGTCTTCACAGTAACAACATTCACTAACACATTTACTAAACATCAGCAACTGTGCCT 10200
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    43839 CCAGTCTTCACAGTAACAACATTCACTAACACATTTACTAAACATCAGCAACTGTGCCT 43780
```

```
Qy    10201 GTTAATTTTTAATAGAAATTTAAGTCCTCCATTTCTTCGGTGTTTTTAAGCTTAA 10260
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    43779 GTTAATTTTTAATAGAAATTTAAGTCCTCCATTTCTTCGGTGTTTTTAAGCTTAA 43720

Qy    10261 TTTTTCTGGCTTATTCATAAATTCTTAAGGTCAACTACATTGAAAAATCAAAGACCTG 10320
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    43719 TTTTTCTGGCTTATTCATAAATTCTTAAGGTCAACTACATTGAAAAATCAAAGACCTG 43660

Qy    10321 CATTTAAATTCTTATTCACCTCTGGCAAAACCATTCACAAACCATGGTAGTAAAGAGAA 10380
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    43659 CATTTAAATTCTTATTCACCTCTGGCAAAACCATTCACAAACCATGGTAGTAAAGAGAA 43600

Qy    10381 GGGTGACACCTGTGGCCATAGTAAATGTACCACCGTGGTCCGGTGACCAGAGATGCAG 10440
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    43599 GGGTGACACCTGTGGCCATAGTAAATGTACCACCGTGGTCCGGTGACCAGAGATGCAG 43540

Qy    10441 CGCTGAGGGTTTCCTGAAGGTAAAGGAATAAAGAATAAAGAATCTTGGAGGGGCGTGCACTGGAA 10500
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    43539 CGCTGAGGGTTTCCTGAAGGTAAAGGAATAAAGAATAAAGAATCTTGGAGGGGCGTGCACTGGAA 43480

Qy    10501 ATCACTTGTAGAGAAAAAGCCCCTGAAAATTTGAGAAAACAAACAAGAAAACTACTTACCAG 10560
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    43479 ATCACTTGTAGAGAAAAAGCCCCTGAAAATTTGAGAAAACAAACAAGAAAACTACTTACCAG 43420

Qy    10561 CTATTTGAATTGCTGGAATCACAGGCCATTGCTGAGCTGCTGAACTGGAACACAACAG 10620
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    43419 CTATTTGAATTGCTGGAATCACAGGCCATTGCTGAGCTGCTGAACTGGAACACAACAG 43360

Qy    10621 AAGGAAAAACAAAACCACTCTGATAATCATTGAGTCAAGTACAGCCAGTGATTGAGGACTGC 10680
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    43359 AAGGAAAAACAAAACCACTCTGATAATCATTGAGTCAAGTACAGCCAGTGATTGAGGACTGC 43300

Qy    10681 TGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTTATGTTGTATTATATAAATGTCATCTTATAATACTGT 10740
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    43299 TGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTTATGTTGTATTATATAAATGTCATCTTATAATACTGT 43240

Qy    10741 CAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTCACACACATTAAAAACAAAACACTGTCTC 10800
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    43239 CAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTCACACACATTAAAAACAAAACACTGTCTC 43180

Qy    10801 TAAAATCCCCAAATTTTTCATAAAC 10825
            ||||||||||||||||||||||
Db    43179 TAAAATCCCCAAATTTTTCATAAAC 43155
```

```
RESULT   7
AL353759
LOCUS       AL353759       101099 bp     DNA                     PRI       20-OCT-2000
DEFINITION  Human DNA sequence from clone RP1-221C16 on chromosome 6 Contains
            STSs, GSSs, ESTs and CpG islands. Contains the 3' part of the HFE
            gene for haemochromatosis protein with two isoforms, two genes for
            novel histone 4 family members, two genes for novel histone 1
            family members, three genes for novel histone 2B family members, a
            gene for a novel histone 2A family member and a novel pseudogene.
            complete sequence.
ACCESSION   AL353759
VERSION     AL353759.8  GI:8745068
KEYWORDS    HTG; CpG island; H1; H2A; H2B; H4; haemochromatosis; HFE; histone.
SOURCE      human.
ORGANISM    Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
REFERENCE   1 (bases 1 to 101099)
AUTHORS     Williams,S.
TITLE       Direct Submission
JOURNAL     Submitted (20-OCT-2000) Sanger Centre, Hinxton, Cambridgeshire,
            CB10 1SA, UK. E-mail enquiries: humquery@sanger.ac.uk Clone
            requests: clonerequest@sanger.ac.uk
COMMENT     On Jun 26, 2000 this sequence version replaced gi:8655345.
            During sequence assembly data is compared from overlapping clones.
            Where differences are found these are annotated as variations
            together with a note of the overlapping clone name. Note that the
            variation annotation may not be found in the sequence submission
```

```
                   corresponding to the overlapping clone, as we submit sequences with
                   only a small overlap as described above.
                   This sequence has been finished according to sequence map criteria
                   as follows. An attempt is made to resolve all sequencing problems,
                   such as compressions and repeats, but not necessarily within known
                   annotated human repeat sequence elements (e.g. Alu). Where the
                   sequence is ambiguous, there is an annotation using the 'unsure'
                   feature key.
                   The following abbreviations are used to associate primary accession
                   numbers given in the feature table with their source databases:
                   Em:, EMBL; Sw:, SWISSPROT; Tr:, TREMBL; Wp:, WORMPEP; Information
                   on the WORMPEP database can be found at
                   http://www.sanger.ac.uk/Projects/C_elegans/wormpep This sequence
                   was generated from part of bacterial clone contigs of human
                   chromosome 6, constructed by the Sanger Centre Chromosome 6 Mapping
                   Group. Further information can be found at
                   http://www.sanger.ac.uk/HGP/Chr6
                   RP1-221C16 is from the library RPCI-1 constructed at the Roswell
                   Park Cancer Institute by the group of Pieter de Jong. For further
                   details see http://bacpac.med.buffalo.edu/
          VECTOR: pCYPAC2
          IMPORTANT: This sequence is not the entire insert of clone
          RP1-221C16 it may be shorter because we sequence overlapping
                   sections only once, except for a 100 base overlap.
                   The true left end of clone RP1-221C16 is at 1 in this sequence. The
                   true left end of clone RP1-34B20 is at 101000 in this sequence.
FEATURES           Location/Qualifiers
     source        1..101099
                   /organism="Homo sapiens"
                   /db_xref="taxon:9606"
                   /chromosome="6"
                   /clone="RP1-221C16"
                   /clone_lib="RPCI-1"
     mRNA          <533..577
                   /gene="HFE"
                   /note="isoform 2, splice variant delE2(14E4)
                   match: cDNAs: Em:AF079407 Em:AF079409 Em:AF079408"
                   /evidence=not_experimental
                   /product="dJ221C16.10.2 (haemochromatosis protein)"
     mRNA          join(<533..1590,2745..3176)
                   /gene="HFE"
                   /note="exon 1 lacks correct 3' splice site
                   match: cDNAs: Em:060319"
                   /evidence=not_experimental
                   /product="dJ221C16.10.1 (hemochromatosis protein)"
                   /protein_id="CAC14161.1"
                   /db_xref="GI:10944580"
                   /translation="GAMGHYVLAERE"
     gene          533..3176
                   /gene="HFE"
     CDS           <533..573
                   /gene="HFE"
                   /note="isoform 1
                   match: proteins: Sw:Q30201"
                   /codon_start=3
                   /evidence=not_experimental
                   /product="dJ221C16.10.1 (hemochromatosis protein)"
                   /protein_id="CAC04129.1"
                   /db_xref="GI:9863665"
     repeat_region 1127..1305
                   /note="MER91B repeat: matches 12. .174 of consensus"
     misc_feature  complement(2103. .2404)
                   /note="match: STS: Em:G22425"
     polyA_signal  3135. .3140
                   /gene="HFE"
     polyA_signal  3155. .3160
                   /gene="HFE"
     polyA_site    3176
                   /gene="HFE"
     misc_feature  3403. .3463
                   /note="Single clone region. Sequence confirmed by U91328
                   and assembly confirmed by restriction digest."
     repeat_region 4711. .4795
                   /note="L1PB3 repeat: matches 6053. .6142 of consensus"
     misc_feature  complement(6443. .6725)
```

```
     repeat_region  /note="match: GSS: Em:AQ092256"
                    8012. .8059
     repeat_region  /note="2 copies 24 mer 95% conserved"
                    8017. .8062
     repeat_region  /note="23 copies 2 mer ac 97% conserved"
                    8276. .8323
     misc_feature   /note="2 copies 24 mer 100% conserved"
                    8529. .9065
     misc_feature   /note="match: GSS: Em:AQ768314"
                    8531. .9290
     mRNA           /note="match: GSS: Em:AQ751497"
                    10279. .10656
                    /gene="dJ221C16.1"
                    /note="match: ESTs: Em:AA868008 Em:AI589002 Em:AA579847
                    Em:AA255502 Em:AW274782 Em:AI630357 Em:AW265281
                    Em:AI566845 Em:AI870806 Em:AW274805 Em:AI474172
                    Em:AA773487 Em:AA255529 Em:AW005063 Em:AA227555
                    Em:AI630581 Em:AA227695 Em:AI362918"
                    /evidence=not_experimental
                    /product="dJ221C16.1 (novel histone 4 family member)"
     gene           10279. .10656
                    /gene="dJ221C16.1"
     CDS            10294. .10605
                    /gene="dJ221C16.1"
                    /note="match: proteins: Tr:P91878 Sw:P02304 Sw:P02306
                    Sw:P02307 Sw:P02308 Sw:P50566 Sw:Q27443 Sw:P04915
                    Sw:P35057 Sw:P35059 Sw:P27996"
                    /codon_start=1
                    /evidence=not_experimental
                    /product="dJ221C16.1 (novel histone 4 family member)"
                    /protein_id="CAC04128.1"
                    /db_xref="GI:9863664"
                    /translation="MSGRGKGGKGLGKGGAKRHRKVLRDNIQGITKPAIRRLARRGGV
                    KRISGLIYEETRGVLKVFLENVIRDAVTYTEHAKRKTVTAMDVVYALKRQGRTLYGFG
                    G"
     polyA_site     10636
                    /gene="dJ221C16.1"
                    10656
     polyA_site     /gene="dJ221C16.1"
                    11339. .11633
     repeat_region  /note="AluSg1 repeat: matches 3. .300 of consensus"
                    13241. .13590
     repeat_region  /note="MER1B repeat: matches 1. .337 of consensus"
                    complement(13811. .14476)
     gene           /gene="dJ221C16.2"
                    complement(13811. .14476)
     CDS            /gene="dJ221C16.2"
                    /note="match: proteins: Sw:P06893 Sw:P43274 Sw:P40286
                    Sw:P43275 Sw:P06348 Sw:P06349 Sw:P43277 Sw:P10412
                    Tr:09QVB5 Sw:P06350 Sw:P15865 Sw:P15866 Sw:Q91369 Sw:P16402
                    Sw:P16403 Sw:P02251 Sw:P02252 Sw:Q07133 Sw:P22492
                    Sw:P15864"
                    /codon_start=1
                    /evidence=not_experimental
                    /product="dJ221C16.2 (novel histone 1 family member)"
                    /protein_id="CAC04129.1"
                    /db_xref="GI:9863665"
                    /translation="MLFAGYYILRFSVVMSETVPAASASAGLAAMEKLPTKKRGRKPA
                    GLISASRKVPNLSVSKLITEALSVSQERVGMISALVALKKALAAAGYDVEKNNSRIKLSL
                    KSLVNKGILVQTRGTGASGSFKLSKKVIPKSTRSKAKKSVSAKTKKLVLSRDSKSPKT
                    AKTNKRAKKPRATTPKTVRSGRKAKGAKGKQKQKSPVKARASKSKLTQHHEVNVRKAT
                    SKK"
     repeat_region  15369. .15581
                    /note="AluSg1 repeat: matches 1. .258 of consensus"
     repeat_region  19019. .19300
                    /note="MLT1J repeat: matches 218. .516 of consensus"
     misc_feature   complement(19243. .19615)
                    /note="match: GSS: Em:AQ031047"
     repeat_region  20805. .21070
                    /note="L1ME repeat: matches 5517. .5791 of consensus"
     repeat_region  21074. .21193
                    /note="60 copies 2 mer ta 61% conserved"
     repeat_region  21100. .21193
```

```
mRNA            /note="47 copies 2 mer ta 62% conserved"
                complement(join(21219..21477,29847..>30227))
                /gene="dJ221C16.3"
                /note="match: cDNAs: Em:AL050291
                match: ESTs: Em:AW370929 Em:AI180389 Em:R08336 Em:AA557205
                Em:AA812462 Em:AW543859 Em:AA562098 Em:AA370597
                Em:AI302266 Em:AA997499 Em:N41646 Em:AI688098 Em:R08388
                Em:AA724505 Em:AI302266 Em:AW258767 Em:AI027954 Em:AW468243"
                /evidence=not_experimental
                /product="dJ221C16.3 (novel 2B histone family member )"

mRNA            complement(join(21219..21477,29197..29329))
                /gene="dJ221C16.3"
                /note="match: ESTs: Em:AI027954 Em:R08336 Em:AA557205
                Em:AI180389 Em:AA557205 Em:AA812462"
                /evidence=not_experimental
                /product="dJ221C16.3 (novel 2B histone family member )"

gene            complement(21219..30227)
                /gene="dJ221C16.3"

polyA_site      complement(21219)
                /gene="dJ221C16.3"

polyA_site      complement(21228)
                /gene="dJ221C16.3"

polyA_signal    complement(21232..21237)
                /gene="dJ221C16.3"

misc_feature    complement(23149..23642)
                /gene="dJ221C16.3"
                /note="match: STS: Em:AL021852"

misc_feature    complement(23367..23660)


Query Match             39.3%;  Score 4251;  DB 90;  Length 101099;
Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
Matches  4251;  Conservative  0;  Mismatches  0;  Indels  0;  Gaps  0;

Qy   6575 GATCTTGAAGGAGAAGCTGGATTCCATTAGGTGAGGTGAAGATGATGGAGGTCTCACAC 6634
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1 GATCTTGAAGGAGAAGCTGGATTCCATTAGGTGAGGTGAAGATGATGGAGGTCTCACAC 60

Qy   6635 AGACGGAGCAACCATGCCAAGTAGGAGAGTATAAGGCATAGGAGAGTATAAGGCTATCTG 6694
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     61 AGACGGAGCAACCATGCCAAGTAGGAGAGTATAAGGCATAGGAGAGTATAAGGCTATCTG 120

Qy   6695 ACTGTACCTTAACCCTGAGTTGCGTAGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCTACCCCC 6754
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    121 ACTGTACCTTAACCCTGAGTTGCGTAGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCTACCCCC 180

Qy   6755 TGAACATCTGTGTGTAGGGAAAAGAAGCCAGCCAGTCATCAGAAGAGAAGCCAGTCCAA 6814
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    181 TGAACATCTGTGTGTAGGGAAAAGAAGCCAGCCAGTCATCAGAAGAGAAGCCAGTCCAA 240

Qy   6815 GGGTCTTTTGGGATATTGGGTTATGATCACTGGGCGTCATTGAAGGATCCTAAGAAAGG 6874
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    241 GGGTCTTTTGGGATATTGGGTTATGATCACTGGGCGTCATTGAAGGATCCTAAGAAAGG 300

Qy   6875 AGGACCACGATCTCCCTTATATGGTGAATGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGAGGTGAGG 6934
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    301 AGGACCACGATCTCCCTTATATGGTGAATGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGAGGTGAGG 360

Qy   6935 AGACCAGTTAGAAAGCCAATAAGCATTTCCAGATGAGAGATAATGTTCTTGAAATCCAA 6994
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    361 AGACCAGTTAGAAAGCCAATAAGCATTTCCAGATGAGAGATAATGTTCTTGAAATCCAA 420

Qy   6995 TAGTGCCCAGGTCTAAATTGAGATGGGTGAATGAGGAAGTAAGGAAGAGAGAGAGGCA 7054
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    421 TAGTGCCCAGGTCTAAATTGAGATGGGTGAATGAGGAAGTAAGGAAGAGAGAGAGGCA 480

Qy   7055 AGATGGTGCCTAGGTTTGTGATGCCTCTTGTCTTGTCTTCCACAGGAGGAGCC 7114
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    481 AGATGGTGCCTAGGTTTGTGATGCCTCTTGTCTTGTCTTCCACAGGAGGAGCC 540

Qy   7115 ATGGGGCACTAGCTCTTAGCTGAACGTGAGTGACACGCAGACTTCACTGTGGGA 7174
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    541 ATGGGGCACTAGCTCTTAGCTGAACGTGAGTGACACGCAGACTTCACTGTGGGA 600

Qy   7175 AGGAGACAAAACTAGAGACTCAAAGAGGGAGTGCATTATGAGCTCTTCATGTTCAGGA 7234
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    601 AGGAGACAAAACTAGAGACTCAAAGAGGGAGTGCATTATGAGCTCTTCATGTTCAGGA 660

Qy   7235 GAGAGTTGAACCTAAACATAGAAATTGCCTGCGAGAACTCCTTGATTTAGCCTTCTCTGT 7294
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    661 GAGAGTTGAACCTAAACATAGAAATTGCCTGCGAGAACTCCTTGATTTAGCCTTCTCTGT 720

Qy   7295 TCATTTCCTCAAAAGATTCCCATTAGGTTCTGAGTTCCTGCATGCCGGTGATCCC 7354
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    721 TCATTTCCTCAAAAGATTCCCATTAGGTTCTGAGTTCCTGCATGCCGGTGATCCC 780

Qy   7355 TAGCTGTGACCTCTCCCCTGGAACTGTCTCTCATGAACCTCAAGCTGCATCTAGAGGCTT 7414
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    781 TAGCTGTGACCTCTCCCCTGGAACTGTCTCTCATGAACCTCAAGCTGCATCTAGAGGCTT 840

Qy   7415 CCTTCATTTCCTCCGTCACCTCAGACACATACACCTATGTCATTTCATTTCCTATTTTTG 7474
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    841 CCTTCATTTCCTCCGTCACCTCAGACACATACACCTATGTCATTTCATTTCCTATTTTTG 900

Qy   7475 GAAGAGGACTCCTTAAATTGGGGACTTACATGATTCATTTAACATCTGAGAAAAGCT 7534
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    901 GAAGAGGACTCCTTAAATTGGGGACTTACATGATTCATTTAACATCTGAGAAAAGCT 960

Qy   7535 TTGAACCCTGGGACGTGGCTAGTCATAACCTTACCAGATTTTACACATGTATCTATGCA 7594
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    961 TTGAACCCTGGGACGTGGCTAGTCATAACCTTACCAGATTTTACACATGTATCTATGCA 1020

Qy   7595 TTTTCTGGACCCGTCAACTTTCCTTGAATCCTCTCGTGTTACCCAGTAACTCAT 7654
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1021 TTTTCTGGACCCGTCAACTTTCCTTGAATCCTCTCGTGTTACCCAGTAACTCAT 1080

Qy   7655 CTGTCACCAAGCCTTGGGGATTCTTCCATCTGATTGTGATGTGAGTTGCACAGCTATGAA 7714
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1081 CTGTCACCAAGCCTTGGGGATTCTTCCATCTGATTGTGATGTGAGTTGCACAGCTATGAA 1140

Qy   7715 GGCTCTGTACACTGCACGAATGGAAGAGGCACCTGTCCCAGAAAAAGCATCGGGCTATCTG 7774
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1141 GGCTCTGTACACTGCACGAATGGAAGAGGCACCTGTCCCAGAAAAAGCATCGGGCTATCTG 1200

Qy   7775 TGGGTAGTAGTGATGGTGTTTTAGCAGTAGGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGGTTGTGA 7834
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1201 TGGGTAGTAGTGATGGTGTTTTAGCAGTAGGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGGTTGTGA 1260

Qy   7835 AGAGGTGTTTTTCTAATTGGCATGGAGGTCATACAGATTGCAAAGTTAATGGTGC 7894
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1261 AGAGGTGTTTTTCTAATTGGCATGGAGGTCATACAGATTGCAAAGTTAATGGTGC 1320

Qy   7895 CTTCATTGGGATGCTACTCTAGTATTCCAGAATCACCAATAATTTCTACCT 7954
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1321 CTTCATTGGGATGCTACTCTAGTATTCCAGAATCACCAATAATTTCTACCT 1380

Qy   7955 GGTCTCTCCTTGGTCTTGTTCTTGATAATGAAGATGATAAAAGCACTTACTTCGT 8014
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1381 GGTCTCTCCTTGGTCTTGTTCTTGATAATGAAGATGATAAAAGCACTTACTTCGT 1440

Qy   8015 GTCCGACTCTTCTGAGCACCTTACACTGCCATGCACTTCTTACCAATAATTC 8074
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1441 GTCCGACTCTTCTGAGCACCTTACACTGCCATGCACTTCTTACCAATAATTC 1500

Qy   8075 TATGAGATAGGTACTATTATCCCCATTTCTTTTTAAATGAAGAAGTGAAGTAGGCCGG 8134
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1501 TATGAGATAGGTACTATTATCCCCATTTCTTTTTAAATGAAGAAGTGAAGTAGGCCGG 1560

Qy   8135 GCACGGTGGCTCACGCCTGTAATCCCAGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGGTGGATCACGA 8194
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1561 GCACGGTGGCTCACGCCTGTAATCCCAGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGGTGGATCACGA 1620

Qy   8195 GGTCAGGAGATCGAGACCATCCTGGCTAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATAC 8254
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1621 GGTCAGGAGATCGAGACCATCCTGGCTAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATAC 1680

Qy   8255 AAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGCAGCGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGGAAGGCTGAGG 8314
```

```
Db         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
      1681 AAAAATTAGCTGGGCCGTGGGCCGTGCAGACCCGGTAGTCCCAGCTACTCGGAAGGCTGAGG 1740

Qy    8315 CAGGAGAATGGCATGAACCCAGGAGGCAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTGCGCCACTGC 8374
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1741 CAGGAGAATGGCATGAACCCAGGAGGCAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTGCGCCACTGC 1800

Qy    8375 ACTCCAGCCTAGGTGACAGAGTGAGACTCCATCTCAAAAAAATAAAAATAAAAATAAAAA 8434
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1801 ACTCCAGCCTAGGTGACAGAGTGAGACTCCATCTCAAAAAAATAAAAATAAAAATAAAAA 1860

Qy    8435 AATGAAAAAAAGAAAGTGAAGTATAGAGTATCTCATAGTTTGTCAGTGATAGAAACA 8494
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1861 AATGAAAAAAAGAAAGTGAAGTATAGAGTATCTCATAGTTTGTCAGTGATAGAAACA 1920

Qy    8495 GGTTTCAAACTCAGTCAATCTGACCGTTGATACATCTCAGACACCACTACATTCAGTAG 8554
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1921 GGTTTCAAACTCAGTCAATCTGACCGTTGATACATCTCAGACACCACTACATTCAGTAG 1980

Qy    8555 TTTAGATGCCTAGAATAAATAGAGAGAATAGAGAAGGAAGCTCTTCTTGTCTGTCATTGTGT 8614
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1981 TTTAGATGCCTAGAATAAATAGAGAGAATAGAGAAGGAAGCTCTTCTTGTCTGTCATTGTGT 2040

Qy    8615 TTCTTCTGAGTGAGCTTGAATCACATGAACACAGAGAAAACAACCAACTGATCCT 8674
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2041 TTCTTCTGAGTGAGCTTGAATCACATGAACACAGAGAAAACAACCAACTGATCCT 2100

Qy    8675 CAGCTGTCATGTTTCCTTTAAAAGTCCCTGAAGTGACTCCCTTGC 8734
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2101 CAGCTGTCATGTTTCCTTTAAAAGTCCCTGAAGTGACTCCCTTGC 2160

Qy    8735 TCCTCTCGTTGCTCTTGGCATTCATTTCTTTGGACCCTACGGCAAGGACTGTAATTGGT 8794
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2161 TCCTCTCGTTGCTCTTGGCATTCATTTCTTTGGACCCTACGGCAAGGACTGTAATTGGT 2220

Qy    8795 GGGGACAGCTAGTGCCCTGCGGGCTTCACACGGTGTCCTCCCCAGTGCCTC 8854
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2221 GGGGACAGCTAGTGCCCTGCGGGCTTCACACGGTGTCCTCCCCAGTGCCTC 2280

Qy    8855 TGGAGTCAGAACTCTGGTGGTGTATTTCCCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCTCATTTTGA 8914
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2281 TGGAGTCAGAACTCTGGTGGTGTATTTCCCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCTCATTTTGA 2340

Qy    8915 GATGGTATAATGGAAGCCACCAAGTGGCATGCAATGGCATGGCTTAGAGGATCGCCCAGGTTCA 8974
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2341 GATGGTATAATGGAAGCCACCAAGTGGCATGCAATGGCATGGCTTAGAGGATCGCCCAGGTTCA 2400

Qy    8975 CTGGGGTTCCGGTCACATTAAAAAAAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCTAGAT 9034
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2401 CTGGGGTTCCGGTCACATTAAAAAAAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCTAGAT 2460

Qy    9035 TCTGGGAAATCAGTTCACCAGTTCAAAAGAGTCTTTTTTTTTTTTGAGACTCTATTG 9094
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2461 TCTGGGAAATCAGTTCACCAGTTCAAAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTGAGACTCTATTG 2520

Qy    9095 CCCAGGCTGGAGTGCAATGGCATGACTCTCGGCTCACTGTAACCTCGCCACTGGGAGTTCA 9154
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2521 CCCAGGCTGGAGTGCAATGGCATGACTCTCGGCTCACTGTAACCTCGCCACTGGGAGTTCA 2580

Qy    9155 AGCGATTCTCCTGTCTCAGCCTCCCAAGTAGCTGGGATTACAGGCGTCACCACCATGCC 9214
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2581 AGCGATTCTCCTGTCTCAGCCTCCCAAGTAGCTGGGATTACAGGCGTCACCACCATGCC 2640

Qy    9215 CGGCTAATTTTTGTATTTTTAGTAGAGACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTC 9274
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2641 CGGCTAATTTTTGTATTTTTAGTAGAGACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGATTACAGGT 2700

Qy    9275 GAACTCCTGACCTCGTGATCCGCCTGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGT 9334
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2701 GAACTCCTGACCTCGTGATCCGCCTGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGT 2760

Qy    9335 GTGAGCCACCGCCCAGCCGTCAAAAGAGTCTTAATATATATCCAGATGGCATGTGT 9394
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3841 CGGTGGTTCCGGTGACCAGAGATGCAGCGCGCTGAGGGTTTCCTGAAGGTAAAGGAATAAAG 3900
```

```
Db    2761 GTGAGCCACCTGCCCAGCCGTCAAAAGAGTCTTAATATATATCCAGATGGCATGTGT 2820

Qy    9395 TTACTTTATGTTACTACATGCACTTGGCTGCATAAATGTGGTACAAGCATTCGTCTTGA 9454
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2821 TTACTTTATGTTACTACATGCACTTGGCTGCATAAATGTGGTACAAGCATTCGTCTTGA 2880

Qy    9455 AGGGCAGGTGCTTCAGGATACCATATACAGCTCAGAAGTTCTTCTTTAGGCATTAAATT 9514
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2881 AGGGCAGGTGCTTCAGGATACCATATACAGCTCAGAAGTTCTTCTTTAGGCATTAAATT 2940

Qy    9515 TTAGCAAAGATATCTCATCTCTTCTTTAAACATTTCTTTTTTGTGGTTAGAAAAGT 9574
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2941 TTAGCAAAGATATCTCATCTCTTCTTTAAACCATTTCTTTTTGTGGTTAGAAAAGT 3000

Qy    9575 TATGTAGAAAAAGTAAATGTGATTTACGCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAATGAATACA 9634
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3001 TATGTAGAAAAAGTAAATGTGATTTACGCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAATGAATACA 3060

Qy    9635 ATTAAAGCTGTTATTTAATTAGCCAGTGAAAAACTATTAACAACTGTCTATTACCTGTT 9694
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3061 ATTAAAGCTGTTATTTAATTAGCCAGTGAAAAACTATTAACAACTGTCTATTACCTGTT 3120

Qy    9695 AGTATTATTGTTGCATTAAAAATGCATATACTTTAATAAATGTATTGTATTGTATTACT 9754
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3121 AGTATTATTGTTGCATTAAAAATGCATATACTTTAATAAATGTATTGTATTGTATACT 3180

Qy    9755 GCATGATTTTATTGAAGTTCTTGTCATCTGTGTATATACTTAATGCTTTGTCATTTT 9814
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3181 GCATGATTTTATTGAAGTTCTTGTCATCTGTGTATATACTTAATGCTTTGTCATTTT 3240

Qy    9815 GGAGACATTTATTTGCTTCTAATTTCTTTACATTTTGCTTCTAATTTCTTTACATTTTCATTCA 9874
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3241 GGAGACATTTATTTGCTTCTAATTTCTTTACATTTTGCTTCTAATTTCTTTACATTTTCATTCA 3300

Qy    9875 ACTGTGGTAGCCGAATTAATCGTGTTCTTCTTCACTCTAGGGACATTGTCGTCTAAGTTGTA 9934
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3301 ACTGTGGTAGCCGAATTAATCGTGTTCTTCTTCACTCTAGGGACATTGTCGTCTAAGTTGTA 3360

Qy    9935 AGACATTGGTTATTTTACCAGCAAACCATTCTGAAAGCATATGACAAATTATTCTCTCT 9994
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3361 AGACATTGGTTATTTTACCAGCAAACCATTCTGAAAGCATATGACAAATTATTCTCTCT 3420

Qy    9995 TAATATCTTACTATACTGAAAGCAGACGACTTCACTTACTCTTCTTCTACCTCAT 10054
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3421 TTACTAAACATCAGACGACTTCACTTACTCTTCTTCTACCTCAT 3480

Qy   10055 AAGGAATAGTGTTACAATTAATTTATTAGGTAAGCATTGTTTTATATTGGTTTATTTCA 10114
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3481 AAGGAATAGTTACAATTAATTTATTAGGTAAGCATTGTTTTATATTGGTTTATTTCA 3540

Qy   10115 CCTGGGCTGAGATTTCAAGACAAACACCCCAGTCTTCACGTAACAACATTTCACTAACACAT 10174
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3541 CCTGGGCTGAGATTTCAAGACAAACACCCCAGTCTTCACGTAACAACATTTCACTAACACAT 3600

Qy   10175 TTACTAAACATCAGCAACTGTGGCCTGTAATTTTTTAAATGAAATTTTAAGTCCTCAT 10234
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3601 TTACTAAACATCAGCAACTGTGGCCTGTAATTTTTTAAATGAAATTTTAAGTCCTCAT 3660

Qy   10235 TTTCTTTCGTGTGTTTTTTAAGCTTATCAGGTAGCATTCATAAATTCTTAAGGTCA 10294
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3661 TTTCTTTCGTGTGTTTTTTAAGCTTATTCATTCATAAATTCTTAAGGTCA 3720

Qy   10295 ACTACATTTGAAAATCAAAGACCTGCATTTTAAATTCTTATTCACCTCTGCAAAACCA 10354
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3721 ACTACATTTGAAAATCAAAGACCTGCATTTTAAATTCTTATTCACCTCTGCAAAACCA 3780

Qy   10355 TTCACAAACCATGGTAGTAGAAGAAGGGTGACACCTGGTGGCCATAGGTAAATGTACCA 10414
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3781 TTCACAAACCATGGTAGTAGAAGAAGGGTGACACCTGGTGGCCATAGGTAAATGTACCA 3840

Qy   10415 CGGTGGTTCCGGTGACCAGAGATGCAGCGCGCTGAGGGTTTCCTGAAGGTAAAGGAATAAAG 10474
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3841 CGGTGGTTCCGGTGACCAGAGATGCAGCGCGCTGAGGGTTTCCTGAAGGTAAAGGAATAAAG 3900
```

```
Qy   6798  GCTCATACAGAGTCCAAGGGTCTT--TGGGATATTGGGTTATGATCACTGGGGTCATT  6856
            | |||||||||||||||||||||||    ||||||||||||||||||||||||||||||
Db     39  GTTCATACAGAGTCCAAGGGTCTTTGTGGGATATTGGGTTATGATCACTGGGGTCATT    98

Qy   6857  GAAGGATCCTAAGAAAGGAGGAGGACCACGATCCCCTTATATGGTGAATGTGTTAAGAA  6916
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     99  GAAGGATCCTAAGAAAGGAGGAGGACCACGATCCCCTTATATGGTGAATGTGTTAAGAA   158

Qy   6917  GTTAGATGAGAGGTGAGGAGGACCAGTTAGAAAGCCAATAAAGCATTCCAGATGAGAGATA  6976
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    159  GTTAGATGAGAGGTGAGGAGGACCAGTTAGAAAGCCAATAAAGCATTCCAGATGAGAGATA   218

Qy   6977  ATGGTTCTTGAAATCCAATAGTGCCCAGGTCTAAATTGAGATGGGTGAATGAGGAAAATA  7036
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    219  ATGGTTCTTGAAATCCAATAGTGCCCAGGTCTAAATTGAGATGGGTGAATGAGGAAAATA   278

Qy   7037  AGGAAGAGAGAAGAGGCAAGATGGTGCCTAGGTTTGTGATGCCTCTTCCTGGGTCTCTT  7096
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    279  AGGAAGAGAGAAGAGGCAAGATGGTGCCTAGGTTTGTGATGCCTCTTCCTGGGTCTCTT   338

Qy   7097  GTCTCCACAGGAGGAGCCATGGGGCCACTACGTCTTAGCTGAACGTGAGTGACACGCAGCC  7156
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    339  GTCTCCACAGGAGGAGCCATGGGGCCACTACGTCTTAGCTGAACGTGAGTGACACGCAGCC   398

Qy   7157  TGCAGACTCACTGTGGAAGAGACAAAACTAGAGACTCAAAAGAGAGGGAGTGCATTTATGA  7216
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    399  TGCAGACTCACTGTGGAAGAGACAAAACTAGAGACTCAAAAGAGAGGGAGTGCATTTATGA   458

Qy   7217  GCTCTTCATGTTCAGGAGGAGTTGAACCTAAACATAGAAAATGCCTGACGAACTCCTT  7276
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    459  GCTCTTCATGTTCAGGAGGAGTTGAACCTAAACATAGAAAATGCCTGACGAACTCCTT   518

Qy   7277  GATTTTAGCCTTCTGTGTTCATTCCTCAAAAAGAGTTCCCCATTTAGGTTTCTGAGTTC  7336
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    519  GATTTTAGCCTTCTGTGTTCATTCCTCAAAAAGAGTTCCCCATTTAGGTTTCTGAGTTC   578

Qy   7337  CTGCATGCCGGTGATCCCTAGCTGTGACCTGTCTCTCATGAACCTCA  7396
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    579  CTGCATGCCGGTGATCCCTAGCTGTGACCTGTCTCTCATGAACCTCA   638

Qy   7397  AGTGCATCTAGAGGCTTCCTTCATTCCTCCGTCACCTCAGAGACATACACCTATGTCA  7456
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    639  AGTGCATCTAGAGGCTTCCTTCATTCCTCCGTCACCTCAGAGACATACACCTATGTCA   698

Qy   7457  TTTCATTCCTATTTTGGAAGAGGACTCCTTAAATTTGGGGACTACATGATTCATTT  7516
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    699  TTTCATTCCTATTTTGGAAGAGGACTCCTTAAATTTGGGGACTACATGATTCATTT   758

Qy   7517  TAACATGTGAGAAAAGCTTTGAACCCTGGACGTGGCTAGTCATAAACCTTACCAGATTTT  7576
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    759  TAACATGTGAGAAAAGCTTTGAACCCTGGACGTGGCTAGTCATAAACCTTACCAGATTTT   818

Qy   7577  TACACATGTATCTATGCATTTCTGGACCCGTCAACTTTCCTTTGAATCCTCTCTCTG  7636
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    819  TACACATGTATCTATGCATTTCTGGACCCGTCAACTTTCCTTTGAATCCTCTCTCTG   878

Qy   7637  TGTTACCCAGTAACTCATCTGTCACCAAGCCTTGGGGATTCTTCCATCTGATTGTGATGT  7696
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    879  TGTTACCCAGTAACTCATCTGTCACCAAGCCTTGGGGATTCTTCCATCTGATTGTGATGT   938

Qy   7697  GAGTTGCACAGCTATGAAGGCTGTACACTGCACGAATGGAAGAGGCACCTGTCCCAGAAA  7756
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    939  GAGTTGCACAGCTATGAAGGCTGTACACTGCACGAATGGAAGAGGCACCTGTCCCAGAAA   998

Qy   7757  AAGCCATCATGGCTATCTGTGGTAGTATGATGGGTGTTTTAGCAGGTGTGTTTTAGCAGGTGTCATACAGATT  7816
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    999  AAGCCATCATGGCTATCTGTGGTAGTATGATGGGTGTTTTAGCAGGTGTGTTTTAGCAGGTGTCATACAGATT  1058

Qy   7817  TCTTGAAAGGGGTTGTGAAGAGGTGTTTTTCTCAATTGGCATGAAGGTGTCATACAGATT  7876
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1059  TCTTGAAAGGGGTTGTGAAGAGGTGTTTTTTCTAATTGGCATGAAGGTGTCATACAGATT  1118

Qy   7877  TGCAAAGTTAATGGTGCCTTCATTGGGATGCTACTCTAGTATTCCAGACCTGAAGAAT   7936
```

```
Qy  10475  AATGGGTGGAGGGGCGTGCACTGGAAATCACTTGTGAGAGAAAAGCCCCTGAAAATTGAG  10534
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3901  AATGGGTGGAGGGGCGTGCACTGGAAATCACTTGTGAGAGAAAAGCCCCTGAAAATTGAG   3960

Qy  10535  AAAACAAGAAGAAACTACTTACCAGCTATTTGAATTGCTGGAATCACAGGCCATTGCTG  10594
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3961  AAAACAAACAAGAAACTACTTACCAGCTATTTGAATTGCTGGAATCACAGGCCATTGCTG   4020

Qy  10595  AGCTGCCTGAACTGGGAACACAGAAGGAAAACAAAACCACTCTGATAATCATTGAGTC  10654
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4021  AGCTGCCTGAACTGGGAACACAGAAGGAAAACAAAACCACTCTGATAATCATTGAGTC   4080

Qy  10655  AAGTACACAGCAGGTGATTGAGGACTGCTGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTTATGTTGTATT  10714
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4081  AAGTACAGCAGGTGATTGAGGACTGCTGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTTATGTTGTATT   4140

Qy  10715  ATAATAATGTCATCTTATAATACTGTCAGTATTTTATAAAACATTCTTCCAAACTCACA  10774
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4141  ATAATAATGTCATCTTATAATACTGTCAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTCACA   4200

Qy  10775  CACATTTAAAAACAAAACACTGTCTCTAAAATCCCAAATTTTTCATAAAC  10825
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4201  CACATTTAAAAACAAAACACTGTCTCTAAAATCCCAAATTTTTCATAAAC   4251
```

RESULT 8

HSHLAA6

LOCUS   HSHLAA6   1479 bp   DNA   PRI   23-JUL-1999
DEFINITION H.sapiens HFE gene, exon 6.
ACCESSION   Y09799
VERSION   Y09799.1 GI:2370109
KEYWORDS   HFE gene.
SOURCE   human.
  ORGANISM Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
REFERENCE   1 (bases 1 to 1479)
  AUTHORS   Carella and Gasparini,P.
  TITLE   Hereditary hemochromatosis genomic structure and organization of
            HLA-H gene
  JOURNAL   Unpublished
REFERENCE   2 (bases 1 to 1479)
  AUTHORS   Gasparini,P.
  TITLE   Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (04-DEC-1996) P. Gasparini, Servizio de Genetica Medica -
            IRCCS, 'Ospedale CSS', Via Cappuccini, 71013 S Giovanni, Rotondo
            (FG), ITALY
COMMENT   Related sequence: U60319.
FEATURES   Location/Qualifiers
     source   1..1479
                     /organism="Homo sapiens"
                     /db_xref="taxon:9606"
                     /clone_lib="31H6"
                     /map="6p22"
     misc_feature   349..389
                     /gene="HFE"
                     /label=stop
                     /usedin=Y09801:hfe_cds
     gene   349..1425
                     /gene="HFE"
     exon   349..1425
                     /gene="HFE"
                     /label=ex6
                     /usedin=Y09801:hfe_mrna
BASE COUNT   397 a   298 c   358 g   426 t
ORIGIN

Query Match   13.1%; Score 1421; DB 93; Length 1479;
Best Local Similarity 99.6%; Pred. No. 2e-303;
Matches 1435; Conservative 0; Mismatches 5; Indels 1; Gaps 1;

```
Db   1119  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
           TGCAAAGTTTAATGGTGCCTCATTTGGGATGCTACTCTAGTATTCCAGACCTGAAGAAT  1178

Qy   7937  CACAATAATTTTCTACCTGGTCTCTCCTTGTTCTGATAATGAAAAATTATGATAAGGATGA  7996
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1179  CACAATAATTTTCTACCTGGTCTCTCCTTGTTCTGATAATGAAAAATTATGATAAGGATGA  1238

Qy   7997  TAAAAGCACTTACTTCGTGTCCGACTCTTCTGAGCACTACATGCATTACTGCATG  8056
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1239  TAAAAGCACTTACTTCGTGTCCGACTCTTCTGAGCACTACATGCATTACTGCATG  1298

Qy   8057  CACTTCTTACAATAATTCTATGAGATAGGTACTATATTCCCCATTTCTTTTTAAATGAA  8116
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1299  CACTTCTTACAATAATTCTATGAGATAGGTACTATATTCCCCATTTCTTTTTAAATGAA  1358

Qy   8117  GAAAGTGAAGTAGGCCGGCACGTGGCTCACGCCTGGCTCCAGCACTTTCGGAGGCC  8176
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1359  GAAAGTGAAGTAGGCCGGCACGTGGCTCACGCCTGGCTCCGCGGCCTGTGGTCCCAGCACTTTGGGAGGCC  1418

Qy   8177  AAGCGGGGTGGATCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCCTGCTAACATGGTGAAACCC  8236
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1419  AAGCGGGGTGGATCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCCTGCTAACATGGTGAAACCC  1478

Qy   8237  C  8237
           |
Db   1479  C  1479
```

```
RESULT  9
AF301592
LOCUS       AF301592              4349 bp    DNA              MAM       13-DEC-2000
DEFINITION  Diceros bicornis HFE gene, exons 2 through 6 and partial cds.
ACCESSION   AF301592
VERSION     AF301592.1  GI:11692702
KEYWORDS    .
SOURCE      black rhinoceros.
  ORGANISM  Diceros bicornis
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Perissodactyla; Rhinocerotidae; Diceros.
REFERENCE   1  (bases 1 to 4349)
  AUTHORS   West,C.J., Worley,M. and Beutler,E.
  TITLE     Rhinoceros HFE Polymorphisms
  JOURNAL   Unpublished
REFERENCE   2  (bases 1 to 4349)
  AUTHORS   West,C.J., Worley,M. and Beutler,E.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (30-AUG-2000) Molecular and Experimental Medicine, The
            Scripps Research Institute, 10550 North Torrey Pines Road, La
            Jolla, CA 92037, USA
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..4349
                     /organism="Diceros bicornis"
                     /db_xref="taxon:9805"
     mRNA            join(<1..264,468..743,1588..1863,1995..2108,3109..>3149)
                     /product="HFE"
     exon            1..264
                     /number=2
     CDS             join(<1..264,468..743,1588..1863,1995..2108,3109..3149)
                     /codon_start=3
                     /product="HFE"
                     /protein_id="AAG39940.1"
                     /db_xref="GI:11692703"
                     /translation="SHSLRYLFMGASERDHGLPLFEALGYVDDELFVAYNHESRRAES
                     RAQWVLGEAHSQLWLQLTSLKGWDHMFVDFWTIMDNHNHSKESHTLQVILGCEVQE
                     DNSTRGFWKYGYDGCDHLEFCPETLDWRAAESRALTTKLEWEVNKIRAKQNRAYLERD
                     CPEQLQWLLELGRGVLDQQVPPLVKTHHVASAVTTLRCQALNFYPQNITMRWLKDRK
                     PVDVKDAESKDVLPSGDGTYQSWEALAVPPGEEQRYTCVEHPGLDQPLTATWEPSLS
                     NTLVTGVISGIAVCVIIFFIGILFRILRKRQASRGAMGDYVLAEEC"
     exon            468..743
                     /number=3
     exon            1588..1863
                     /number=4
     exon            1995..2108
```

```
exon
           /number=5
           3109..>3149
           /number=6

BASE COUNT  1142 a   924 c   1124 g   1159 t
ORIGIN

Query Match            13.0%;    Score 1407.4;  DB 7;  Length 4349;
Best Local Similarity  67.8%;    Pred. No. 2.2e-300;
Matches 3005;  Conservative  0;  Mismatches 866;  Indels 558;  Gaps 52;

Qy   3762  GTTCACACTCTGCTACCTTCTCAGTGGTGCCTCAGAGCAGGAGGACCTTGGTCTTTCCT  3821
           | |||||||||||||||||||||||||||||  || ||||  || |||| || || ||
Db      1  GGTCACACTCTGCTGCGTACCTTCTCAGTGGTGCCTCAGAGCAGGGGGACCGCCTGCCCC  60

Qy   3822  TGTTTGAAGCTTTGGGTGGATGGACCAGCTGTTCGTGTTCATGATCATGAGAGTC  3881
           |||||||||||  |||||||  |||||||||||  |||| ||| |||||||||||
Db     61  TGTTTGAAGCCTTGGGCTATGGTGATGACGAGCTTTCGTGGCCTACAATCACGAGAGTC  120

Qy   3882  GCCGTGTGGAGCCCGAACTCCATGGGTTCCAGTAGAATTCAAGCAGATGTGGCTGC  3941
           ||||||  |||||| || ||  |  ||||  ||||  ||  |||||||||||| |||
Db    121  GCCGTGCGAGAGTCCCGTGCCCAGCTGGGGTCTTGGGTGAGGCCCACAGCCAGCTGTGGCTGC  180

Qy   3942  AGCTGAGTCAGAGTCTGAAAGGTGGGATCACATGTCACTGTTGACTTCTGGACTATTA  4001
           |||||||||||| |||||||||||  |||||||||||||||||| ||  ||||| |||
Db    181  AACTGACTCAGAGCCTGAAAAGGTGGGATCACATGTTCATCGTCGACTTCTGGACCATCA  240

Qy   4002  TGGAAAATCACAACCACAGCAAGGGTATGTGACGAGGGGCCTCACCTTCCTGAGGTTGT  4061
           ||| ||| |||||| |||| |||| ||  |||||||||||||| ||||||||||| |||
Db    241  TGGACAACCACAACCACAGCAAGGAGTCACAAGGGTACGTGGCGAGGTGCCTCCCCTTCCTGGGTTGGG  300

Qy   4062  CAGAGCTTTTCATCTTTC----ATGCATCTTGAAGGAAACAGCTGGAAGTCTGAGGTCT  4117
           ||| ||| |||  |  ||       |||||| | |||| ||||  ||| ||| ||| |||
Db    301  TGGAGTGTTTCCCTACCTCAAGGATGCATCTTGAGGAGGAGCTGAGAGTTTGAGGTCC  360

Qy   4118  TGTGGGAGCAGGGAAGAGGGAAGGGAAGGAATTTGCTTCTCGAGATCATTGGTCCTTGGGGATG  4177
           ||  ||| ||   |||||||||||||||||     |||||  |||  ||   |||||
Db    361  TG-GGGGTCAGAGAGGGAGGGGAAGGAGT------CTGAGGTCATTCGGTCCCCT-GGGATG  411

Qy   4178  GTGGAAATAGGGACCTATTCCTTTGGTTGCAGTTAACAAGGCTGAGGATTTTTCCAGAGT  4237
           |||||||  |||||| ||  ||||||||||   ||||||  || || |||||||||||||
Db    412  GTGGAGACAGGGACATACTCCTTTGGTTCAG-TAATGAAGCTGGGGATGTTGCCAGAGT  470

Qy   4238  CCCACACCCTGCAGGTCATCCTGGCTGTGAAATGCAAGAAGAACAGTACCGAGGGCT  4297
           |||||||||||||||| |||  ||||||||||||||||  |||||||||  ||||||
Db    471  CCCACACCCTGCAGGTGATCCTGGCTGTGAGGTGCAAGAGGACCAACAGTACCAGGGGGTT  530

Qy   4298  ACTGGAAGTACGGGTATGATGGGCAGGACCACCTTGAATTCTGCCCTGACACACTGGATT  4357
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    531  TCTGGAAGTACGGGTACGATGGGCAGGACCACCTTGAATTCTGCCCTGACACACTGGATT  590

Qy   4358  GGAGAGCAGCAGACACCAGGGCCTGGCCCACCAAGCTGGAGTGGAAAGGCACAAGATTC  4417
           ||||||||||||| |||| |||| |||||||||||||| ||| ||| ||||||||||||
Db    591  GGAGAGCAGCAGAGTCCAGGGCCCGACCCACCAAGCTGGAGTGGAAGTGAACAAGATTC  650

Qy   4418  GGGCCAGGCAGAACAGGGCCTACCTGGAGAGGGACTGCCCTGCAGCAGTTGC  4477
           |||||| ||||||||||||| || |||||||||| ||||| |||||||||||
Db    651  GGGCCAGGCAGAACAGAGCCTATCTCGAGAGGGACTGCCCTGAGCAGTTCAGTGGTTGC  710

Qy   4478  TGGAGCTGGGGAGAGGTGTTTTGACCAACAAGTGTGAAAACACTTCTGCCCT  4537
           ||||||| |||||||||  ||||||||||| |||||| ||||||||  ||||
Db    711  TGGAGCTGGGGAGAGGGGTTCTGACCAAGTGTGGGGAGTGGTGTCAAGCAGCACCCCTTCTGCCCCC  770

Qy   4538  ATACTCTAGTGGCAGAGTCGAGAGGTTGCAGGCACGGAATCCCTGGTTGGAGTTTCAG  4597
           |  |||| |  ||||||| ||||||| || |||| ||||||| ||||| ||||||||||
Db    771  ACACTCTA-TGATGGAGTGGTGGGTAATGGGGGTACCGGAT-TCTGGCTGGAATTTCAG  828

Qy   4598  AGGTCG---CTGAGGCTGTGTGCCCTC------------------TCCAAATTCTGGGAAG  4636
           ||||     ||||||  ||||||||||||| ||| ||||||||||
Db    829  AGGTGCCCACCAAAGTTGTGACTCTCTCGGGAAGGAACTGAGGTCTGAGGTTTCCACCC  888

Qy   4637  GGACTTTCTCAATCCTAGTAGTCTCTACCTTATATAATTGAGATGTATGAGACAGCCACAAGT  4696
           |    |||||||||||||||||||   ||  ||||||
```

```
Db   889  TGGGGCTCCAGCTTTGAGGTCTCCACCTTGTCATTGAGATGTATGACACAACCATGAGT  948

Qy  4697  CATGGGTTTAATTTCTTTCTCCATGCATATGCTCAAAGGGAAGTGTCTATGGCCCTTG  4756
          |||||  ||||||||| ||||  |||||| ||||  |||
Db   949  CATGGTTTTAATTTTTTTTTTCCCCACACATATGGCCAAAGAAGAGAAGAAGTGTCTGTGATC--TT  1006

Qy  4757  CTTTTTTATTTAACCAATAATCTTTGTATATTATACCTGTTAAAAATTCAGAAAATGTCA  4816
          || ||  ||||||||    |  ||| |||||||||  ||||||| ||||||
Db  1007  CTCTTGGTTTAACCAAGAACTCTGTGTCTACTTATACATTTCAGAAATTCAGAGGTGTCA  1066

Qy  4817  AGGCCGGGCACGTGGCTCACCCCTGTAATCCCAGCACTTTGGGAGGCCGGGCGGTGG  4876
          |||||||||  |||  |||||||||||||||||||||||||||||  |||||||||||
Db  1067  ATTCT------------------------------CACATGAATACCAAGGCAAGAAA  1094

Qy  4877  TCACAAGCTCAGGAGTTTGAGACCAGCCTGACCAACAGGTGAAACCCGTCTCTAAAAA  4936
          | ||| ||||||
Db  1095  TTACCAAGTAAGG-----  1107

Qy  4937  ATACAAAAAATTAGCTGGTCACAGTCATGCGCACCTGTAGTCCCAGCTAATTGGAAGGCTG  4996
Db  1108  ---------------------------------  1107

Qy  4997  AGGCAGGAGCATCGTCGCTTGAACCTGGGAGGCGGAGGTTGCACTGAGCCGAGATCGGCCCAC  5056
Db  1108  -------------------------------------  1107

Qy  5057  TGCACTCCAGCCTAGGCAGCAGAGTGAGACTCCATCTTAAAAAAAAAAAAAAAAA  5116
Db  1108  -----------------------  1107

Qy  5117  AGAGAATTCAGAGATCTCAGCTCATCATATGAATACCAGGACAAAATATCAAGTGAGGCCA  5176
Db  1108  ------------------------  1130

Qy  5177  CTTATCAGAGTAGAAGAATCCTTT--AGGTTAAAAGTTTCTTTCATTAGAACATAGCCAATA  5234
Db  1131  --GATCAGAGTAGCAGAATCCTTTGGAGATTAAAGGTTACTTTCAAAGAACACAGCAATA  1188

Qy  5235  ATCACTGAAGCTACCTATCTTACAGGTCCGCTTCTTATAACAATGCCTCCTAGGTTGACC  5294
Db  1189  GTCACTGAAGC;CTGGCTATCTTACAAGAATAATTATTGGGTTGAAC  1234

Qy  5295  CAGGTGAAA------CTGACCATCTGTATTCAATCATTTCAATGCACATAAAGGGCAATTTT  5351
Db  1235  CGGGTAAAAATTTCCTGATAGTGACATATTTCAGTGATTTTGATCCACCATAAAGGGCAATTTC  1294

Qy  5352  ATCT---------------ATCAGAACAAAGAACATGGTAACACAGATATGTATATT  5392
Db  1295  ATCTGATTGAATAATAACATGTTAACAAAAACAGAAGAGATGTGGGCAACAGTGATGCATATT  1354

Qy  5393  TACATGTG----AGGAGAACAAGCTGAT--CTGACTGCTCTCCAAGTGACACTGTGTT  5444
Db  1355  TACTTATGAGACAGGGTGAGAAAAGGCTGATGAGACTGCTCATGTGATGTGTCACATT  1414

Qy  5445  AGA------GTCCAATCTTAGGACACAAAAATGTGTCTCTC'GTGTCTCTTCATVGTGATGTGTCACAGCTTG-CTTTG  5495
Db  1415  AGAACATCTTGAACTTGTTTTTAGGACACAAAAATGTGTCTCTTCCTTCCTGTGTCACGGTTCAGGCTC  1473

Qy  5496  TCTGAAAAGGGTATTTCCTCCAACCTAG----AAGGAAGTGAAAGTTCCAGTCT  5551
Db  1474  TCTGAACAGGGTATCATCTTCTTTCCGATCCTCTTCCTGTCCTGTCACGGTGTCGGGTCT  1533

Qy  5552  TCCTGGCAAGGTAAACAGATCCCCTCTCCTCATCCTCTCCTCGTCAAGTGCCTC  5611
Db  1534  CTTTGGTTGGAAGGTGACTCATCATGTGACCTTCTCTTGCGCTCTTCCTGTCTCAGGGTC  1593

Qy  5612  CATGGCCAAGTAGGAGATTAGAAATAATTGTTATTATGCCTTGT  6646... 
Db  1594  CATG--CAAGTGGGAGAGGGTCGAGCGTCATCAGGACTACTTAGGAGTATAGGCGAGCAAC  1653

Qy  6707  CCCTGAGTTTGCGTAGCTATCACTCAACCAATTATGCATTTCTACCCCCTGCAACATCTGTG  6766
Db  1654  CCTTGACTTTGCGTAACTTGTCATACTTGTCAGTCACCAATTCTGCGTTTCTCCCCCCTGAGCATCTGTG  1713
```

```
Qy  5732  CCAAGGAGTTCGAACCTAAAGACGTATTGCCCAATGGGATGGACCTACCAGGGCTGGA  5791
          ||||||   |||  ||||||||  |||| |||| |||||||| |||| ||| || |||
Db  1714  TCAAGGACGCCGAGTCTAAGGATGTGCTGCCCAGCGGGACGGGACCTACCAGAGCTGGG  1773

Qy  5792  TAACCTTGGCTGCTGTACCCCTGGGAAGAGCAGAGAGATACGTGGAGCACCCAG  5851
          |||| |||||||   ||||  |  || ||| || ||| |||||| || ||| |||
Db  1774  AGGCTTTGGCCGTGCCGTGCCCCCCTGGGAAGAGATAGATACCTGCCAGGTGGAGCACCCAG  1833

Qy  5852  GCCTGGATCAGCCCCTCATTGTGATCTGATGTCACTGAGGAGCTGAGGACTGAG  5911
          ||||||||||||||||||||||||||  |||||
Db  1834  GCCTGGATCAGCCCCTCACTGCCACCTGGGTATG-----GATGAGAGCCAGGGGGCTGAG  1888

Qy  5912  AAAATCTATTGGGGTTGAGAGGAGTGCCTGAGGAGGTAATTATGCCAGTGAGATGAGGA  5971
          |||||||| |||  ||||| |||
Db  1889  AAACTCTGTCGTGGGTGGA--------ACAAGAGTGTCACCATGCGCAGTGAGGGGAGGG  1940

Qy  5972  TCTGCTCTTTGTTGTAGGGGGTGGCGTGAGGGTGGCAATCAAAGGCTTAACTGCTTTTC  6031
                 ||||||||| ||||||  |||| |||  ||||||||||||| ||||||||
Db  1941  TCTGCTCT----------GGGCTCTGGTGGCCGTCATGGGCCTCATTGGCCGGATTGC-TTTTG  1986

Qy  6032  TGTTTTAGAGCCCTCACCGTCTGGCACCCTAGTCATTGGAGTCATCAGTGGAATTGCTGT  6091
          ||||||||||||||||  || |||| ||||  ||| |||||||||||  |||||||||||
Db  1987  TTTTTTAGAGCCCTCACTTTCTCAACCCCTCGTCACTGGAGTCATCAGTGGAATTGCTGT  2046

Qy  6092  TTTTGTCGTCATCTTGTTCATTGGAATTTGTTCATAATATTAAGGAAGAGGCAGGGTTC  6151
          ||||||  |||||| ||||||||||| ||||||||  ||||  ||||||||||||||||||
Db  2047  TTGTGTCATCATCTTCTTCATTGGAATTTTGTTCAGAATCTTAAGGAAAAGACAAGCTTC  2106

Qy  6152  AAGTGAGTAGGAACAAGGGGGAAGTCTCTAGTACCTCTGCCCCAGGG----------  6199
          ||||||||||||||||||||  |||| ||| ||||  ||  ||||  ||
Db  2107  AAGTGAGTAGGAAGAAGGAGGAAGTCTCTTAGTTCCTTTGCCCCCAGGACACTAATTC  2166

Qy  6200  --------------------------CACAGTGGGAAGAGGGGCAGAGGGGATCCTGGCATCCATGGGAAGCATTT  6248
                                     || ||  || ||  || || || || |||||||||||
Db  2167  TTCTGTAGCAGTGGGGCAGAGGGGCAGAGGCCAGAGATTTGGCATCCATGGAGAAGTCTTC  2226

Qy  6249  TTCTCATTTATATTCTTTGGGGACACCAGCAGCTCCCTGGGAGACAGAAAATAATGGTTC  6308
          ||  |   | |||||  |||  | ||  |  ||||||||| |  ||||| | |||||
Db  2227  TCTTCTCTCTTTTTCTTTGGGGAGCACTGGCACCCTCCCTGGGAG-CAAGAATTAATGGTTT  2285

Qy  6309  TCCCCAGATGAAAGTCTCTAATTCAACAACATCTTCAGAGCACTA-----------  6356
          ||||||||||||||  || ||||| ||||||  | || |||
Db  2286  TCCTCAGAATGAAAGCTTCTAATTCAACAAAACATCTTTGAGCACTTATTGTAAAGCAA  2345

Qy  6357  -----CTATTTTGCAAGAGCTGTTCAAGTAGTAGTGAGGTTGA--GAAGTC  6409
               |||||| |||  ||||| |  || ||| || || |||
Db  2346  CTTTTATTTTTGTAAGGTGCTATTTAAGGTAGTGTGAGGTTGAATTAGTCA  2405

Qy  6410  ACTGTGGCTATTCTCAGAACCCAAATCTGGTAGGGAA---TGAAATTGATAGCAAGTAAA  6466
          ||||  |||||| |  || |||  || |||||| ||
Db  2406  CCTGTTGCCATTCTCAGAACCCAAATCTAAGGTCCTAAGCAGCAGAAGAAACACAACAAGTAAA  2465

Qy  6467  TGTAGTTAAAGAAGACCCCATGAGTCCTAAACAGTCTTGTTGGTG  6526
          ||||  ||||||| ||||||  | || |||  ||| |||||
Db  2466  TGCAGTTAAAAAGACCCCCTTAAGGTCCTAAGCAGATATGAAGCAAATGCTTTGAAGTGT  2525

Qy  6527  CAAAGGAAAGAAGAATGATCACATTCAGCTGGGCATCAAGATAGCCTTCTGGATCTTGAAGGA  6586
          ||||||| ||| ||||  || || || |||  ||||   ||  ||| ||  ||||| |
Db  2526  CAAAGGAAGGAATGACGATCAACATTCAGCTCGGGATCATCTCGATCTTGA---A  2582

Qy  6587  GAAGCTGGATTCCATTAGGTGAGGTTGAAGATGATGGGAGAGCAAC  6646
          ||||  ||  || ||||||||  ||| ||  ||||  |||
Db  2583  GAAGTAGGATTTCTTTAGGTGGGGTT----GATGAGGGGAGGGGTCTACGCGGATGGCAGAATGGCAAC  2639

Qy  6647  CATGCCAAGTAGGAGAGTATAAGGCATACTGGAGATTAGAAATAATTGTTATTATGCCTTAA  6706
          |||     ||||| ||| | |   || |||||||| ||  || | | || ||   ||||
Db  2640  CATG--CAAGTGGGAGAGGGTCGAGCGTCATCAGGACTACTTAGGAGTAAGAAATTGTTATTATGCCTTGT  2698
```

```
ORIGIN

Db   2185  TACAATAATTCTATGAGATAGTACTATTATCCCCATTCTTTTTTAAATGAAGAAAGTG  2244
                 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy   8124  AAGTAGGCCGGGCACGGTGGCTCACGCCTGTAATCCAGCACTTGGGAGGCCA  8177
                 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||    ||    ||
Db   2245  AAGTAGGCCGGGCACGGTGGCTCGCGCCTGGTCCCAGGGTGCTGAGATTGCA  2298
```

RESULT 11
AF144242
```
LOCUS       AF144242        1885 bp    mRNA            PRI      04-NOV-2000
DEFINITION  Homo sapiens hemochromatosis splice variant delE3 mRNA, complete
            cds.
ACCESSION   AF144242
VERSION     AF144242.1  GI:11094324
KEYWORDS    .
SOURCE      human.
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
REFERENCE   1  (bases 1 to 1885)
  AUTHORS   Thenie,A., Orhant,M., Gicquel,I. and Mosser,J.
  TITLE     HFE alternate splice variants
  JOURNAL   Unpublished
REFERENCE   2  (bases 1 to 1885)
  AUTHORS   Thenie,A., Orhant,M., Gicquel,I. and Mosser,J.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (20-APR-1999) Faculte de Medecine, UPR41 CNRS, 2 Avenue
            du Pr. Leon Bernard, Rennes Cedex 35043, France
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..1885
                     /organism="Homo sapiens"
                     /db_xref="taxon:9606"
                     /chromosome="6"
                     /map="6p22"
     gene            1..1885
                     /gene="HFE"
     CDS             124..894
                     /gene="HFE"
                     /codon_start=1
                     /product="hemochromatosis splice variant delE3"
                     /protein_id="AAG29577.1"
                     /db_xref="GI:11094325"
                     /translation="MGPRARPALLLLMLLQTAVLQGRLLRSHSLHYLFMGASEQDLGL
                     SLFEALGYVDDQLFVFYDHESRRVEPRTPWVSSRISSQMWLQLSQSLKGWDHMFTVDF
                     WTIMENHNHSKVYPPLVKVTHHVTSSVTTLRCRALNYYPQNITMKWLKDKQPMDAKEFE
                     PKDALPNGDGTYQGWITLAVPPGEQRYTCQVEHPGLDQPLIVIWEPSPSGTLVIGVI
                     SGIAVFVVILFIGILFIILRKRQSRGAVGHYVLAERE"
BASE COUNT      453 a    442 c    458 g    532 t
ORIGIN
```

```
Query Match             9.5%;     Score 1030.2;   DB 89;    Length 1885;
Best Local Similarity  99.7%;     Pred. No. 3.7e-217;
Matches 1032;  Conservative    0;  Mismatches    3;    Indels    0;   Gaps    0;

Qy   7104  CAGGAGGAGCCATGGGCCACTACGTCTTAGCTGACGTGAGTGACACGCAGCCTGCAGAC  7163
                 || |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    851  CAAGAGGAGCCGTGGGCCACTACGTCTTAGCTGACGTGAGTGACACGCAGCCTGCAGAC  910

Qy   7164  TCACTGTGGGAAGGAGACAAAACTCAAAGAGGAGACTCAAAGAGGAGTGCATTTATGAGCTCTTC  7223
                 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    911  TCACTGTGGGAAGGAGACAAAACTCAAAGAGGAGACTCAAAGAGGAGTGCATTTATGAGCTCTTC  970

Qy   7224  ATGTTTCAGGAGGAGAGTTGAACCTAAACATAGAAATTGCCTGACGAACTCCTTGATTTTA  7283
                 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    971  ATGTTTCAGGAGGAGAGTTGAACCTAAACATAGAAATTGCCTGACGAACTCCTTGATTTTA  1030

Qy   7284  GCCTTCTCTGTTCATTTCCCTCAAAAAAGATTTCCCCATTTAGGTTTCTGAGTTCCTGCATG  7343
                 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1031  GCCTTCTCTGTTCATTTCCCTCAAAAAAGATTTCCCCATTTAGGTTTCTGAGTTCCTGCATG  1090

Qy   7344  CCGGTGATCCCTAGCTGTGACCTCTCCCCTGGAACTGTCTCTCATGAACCTCAAGCTGCA  7403
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

TITLE   Direct Submission
JOURNAL   Submitted (04-DEC-1996) P. Gasparini, Servizio de Genetica Medica -
           IRCCS, 'Ospedale CSS', Via Cappuccini, 71013 S Giovanni, Rotondo
           (FG), ITALY
COMMENT   Related sequence: U60319.
FEATURES   Location/Qualifiers
     source   1..874
                     /organism="Homo sapiens"
                     /db_xref="taxon:9606"
                     /clone_lib="31H6"
                     /map="6p22"
     exon   46..309
                     /gene="HFE"
                     /label=ex2
     gene   46..793
                     /gene="HFE"
     exon   518..793
                     /gene="HFE"
                     /label=ex3
BASE COUNT   202 a   194 c   267 g   211 t
ORIGIN

Query Match   7.7%; Score 832.2; DB 93; Length 874;
Best Local Similarity   99.4%; Pred. No. 1.7e-173;
Matches   856; Conservative   0; Mismatches   0; Indels   2; Gaps   2;

Qy   3731 ACATGGTTAAGGCCTGTTGCTCTGTCCCAGGTTCACACTCTTCACACTACTCCTCTCATG 3790
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   15 ACATGGTTAAGGCCTGTTGCTCTGTCCCAGGTTCACACTCTTCACACTACTCCTCTCATG 74

Qy   3791 GGTGCCTCCAGAGCAGGAGGACCTTGGTCTTTCCTTGTTTGGGCTACGTGGGATGAC 3850
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   75 GGTGCCTCCAGAGCAGGAGGACCTTGGTCTTTCCTTGTTTGGGCTACGTGGGATGAC 134

Qy   3851 CAGCTGTTCGTGTTCATGATCATGAGAGTCGCCGTGTGGAGCCCCGAACTCCATGGGTT 3910
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   135 CAGCTGTTCGTGTTCATGATCATGAGAGTCGCCGTGTGGAGCCCCGAACTCCATGGGTT 194

Qy   3911 TCCAGTAGAATTCAAGCCAGATGTGGCTGCAGCTGAGTCAGAGTCTGAAAGGTGGGAT 3970
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   195 TCCAGTAGAATTCAAGCCAGATGTGGCTGCAGCTGAGTCAGAGTCTGAAAGGTGGGAT 254

Qy   3971 CACATGTTCACTGTTGACTTCTGGACTATTATGGAAAATCACAACCACAGCAGGGTATG 4030
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   255 CACATGTTCACTGTTGACTTCTGGACTATTATGGAAAATCACAACCACAGCAGGGTATG 314

Qy   4031 TGGAGAGGGGGCCTCACCTTCCTGAGGTGTCAGAGTTGTCAGAGCTTTTCATGCATCTTG 4090
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   315 TGGAGAGGGGGCCTCA-CTTCATGAGGTGTCAGAGTTGTCAGAGCTTTTCATGCATCTTG 373

Qy   4091 AAGGAAACAGCTGGAAGTCTGGAAGTTCTGTTGTCTGGGATGTGAAATAGGGACCTATTC 4150
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   374 AAGGAAACAGCTGGAAGTCTGGAAGTTCTGTTGTCTGGGATGTGAAATAGGGACCTATTC 433

Qy   4151 CCTGAGATCATTTGGTCCTTGGGATGGTGAAATAGGGACCTATTCCTTTGGTTGCAGT 4210
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   434 CCTGAGATCATTTGGTCCTTGGGATGGTGAAATAGGGACCTATTCCTTTGGTTGCAGT 493

Qy   4211 TAACAAGGCTGGGGATTTTTCCAGAGTCCCACACCCTGCAGGTCATCCTGCAGGTCTGTGAAA 4270
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   494 TAACAAGGCTGGGGATTTTTCCAGAGTCCCACACCCTGCAGGTCATCCTGCAGGTCTGTGAAA 553

Qy   4271 TGCAAGAAGACAACAGTACCGAGGGCTACTGGTATGGGTATGATGGGAGGACCACC 4330
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   554 TGCAAGAAGACAACAGTACCGAGGGCTACTGGTATGGGTATGATGGGAGGACCACC 613

Qy   4331 TTGAATTCGCCCTGACACACTGGATTCGAGAGCAGCAGAACCCAGGGCCTGCCCACCA 4390
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Db   1091 CCGTGATCCCTAGCTGTGACCTCTCCCCTGGAACTGTCTCTCATGAACCTCAAGCTGCA 1150
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy   7404 TCTAGAGGCCTTCCTTCATTCCTCCGTCACCTCAGAGACATACACCTATGTCATTCATT 7463
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1151 TCTAGAGGCCTTCCTTCATTCCTCCGTCACCTCAGAGACATACACCTATGTCATTCATT 1210

Qy   7464 TCCTATTTTGGAAGAGGACTCCTTAAATTGGGGACTTACATGATTCATTTTAACATC 7523
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1211 TCCTATTTTGGAAGAGGACTCCTTAAATTGGGGACTTACATGATTCATTTTAACATC 1270

Qy   7524 TGAGAAAAGCTTTGAACCCTGGGACGTGGCTAGTCATAACCTTACCAGATTTTTACACAT 7583
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1271 TGAGAAAAGCTTTGAACCCTGGGACGTGGCTAGTCATAACCTTACCAGATTTTTACACAT 1330

Qy   7584 GTATCCTATCATTTTCTGGACCCGTTCAACTTTTCCTTTGAATCCTCTCTGTTACC 7643
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1331 GTATCCTATCATTTTCTGGACCCGTTCAACTTTTCCTTTGAATCCTCTCTGTTACC 1390

Qy   7644 CAGTAACTCATCTGTCACCAAGCCTTGGGGATTCTTCCATCTGATTGTGATGTGAGTTGC 7703
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1391 CAGTAACTCATCTGTCACCAAGCCTTGGGGATTCTTCCATCTGATTGTGATGTGAGTTGC 1450

Qy   7704 ACAGCTATGAAGGCTGTACACTGCACGAATGGAAGAGGCACCTGTCCCAGAAAAAGCATC 7763
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1451 ACAGCTATGAAGGCTGTACACTGCACGAATGGAAGAGGCACCTGTCCCAGAAAAAGCATC 1510

Qy   7764 ATGGCTATCTGTGGGCTAGTATGATGGGTGTTTTTAGCAGGTAGGAGGCAAATATCTTGAA 7823
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1511 ATGGCTATCTGTGGGTATGATGGGTGTTTTTAGCAGGTAGGAGGCAAATATCTTGAA 1570

Qy   7824 AGGGGTTGTGAAGAGGTGTTTTTTCTAATTGGCATGAAGGTGTCATACAGATTTGCAAAG 7883
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1571 AGGGGTGTGAAGAGGTGTTTTTTCTAATTGGCATGAAGGTGTCATACAGATTTGCAAAG 1630

Qy   7884 TTTAATGGTGCCTTCATTTGGATGCTACTCTAGTATTCCAGACCTGAAGAATCACACATA 7943
          |||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1631 TTTAATGGTGCCCCTCATTTGGATGCTACTCTAGTATTCCAGACCTGAAGAATCACACATA 1690

Qy   7944 ATTTTCTACCTGTCTCTCCTGTTCTGATAATGAAAATTATGATAAGGATGATAAAAGC 8003
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1691 ATTTTCTACCTGTCTCTCCTGTTCTGATAATGAAAATTATGATAAGGATGATAAAAGC 1750

Qy   8004 ACTTACTTCGTGTCCGACTTCTGAGCACCTACTTGCATGCACTTCT 8063
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1751 ACTTACTTCGTGTCCGACTTCTGAGCACCTACTTGCATGCACTTCT 1810

Qy   8064 TACAATAATTCTATGAGATAGGTACTATTATCCCCATTTCTTTTTAAATGAAGAAAGTG 8123
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1811 TACAATAATTCTATGAGATAGGTACTATTATCCCCATTTCTTTTTAAATGAAGAAAGTG 1870

Qy   8124 AAGTAGGCCCGGCAC 8138
          |||||||||||||||
Db   1871 AAGTAGGCCCGGCAC 1885

RESULT 12
HSHLAH2
LOCUS   HSHLAH2   874 bp   DNA   PRI   23-JUL-1999
DEFINITION H.sapiens HFE gene, exon 2 & 3.
ACCESSION   Y09800
VERSION   Y09800.1   GI:2370112
KEYWORDS   HFE gene.
SOURCE   human.
ORGANISM   Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
REFERENCE   1 (bases 1 to 874)
AUTHORS   Carella and Gasparini,P.
TITLE   Hereditary hemochromatosis genomic structure and organization of
            HLA-H gene
JOURNAL   Unpublished
REFERENCE   2 (bases 1 to 874)
AUTHORS   Gasparini,P.

```
Db    614  TTGAATTCTGCCTGACACACTGGATTGGAGAGCAGCAGAACCCAGGGCCTGGCCACCA 673
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy   4391  AGCTGGAGTGGGAAAGGCACAAGATTCGGGCCTGGCCAGGCAGAACAGGGCCTACCTGGAGAGGG 4450
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    674  AGCTGGAGTGGGAAAGGCACAAGATTCGGGCCAGGCAGAACAGGGCCTACCTGGAGAGGG 733

Qy   4451  ACTGCCCTGCACAGCTGCAGCAGTTGCTGAGCTGGGGAGGTGTTTTGGACCAACAAG 4510
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    734  ACTGCCCTGCACAGCTGCAGCAGTTGCTGAGCTGGGGAGGTGTTTTGGACCAACAAG 793

Qy   4511  GTATGGTGGGAAACACACTTCTGCCCCTATACTCTAGTGGCGAGTGGCGAGGTTGC-AG 4569
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    794  GTATGGTGGGAAACACACTTCTGCCCCTATACTCTAGTGGCCAGAGTGGGAGGAGGTTGCTCC 853

Qy . 4570  GGCACGGAATCCCTGGTTGGA 4590
           |||||||||||||||||||||
Db    854  GGCACGGAATCCCTGGTTGGA 874

RESULT 13
AF184234
LOCUS          AF184234       772 bp        DNA                  PRI       05-OCT-1999
DEFINITION     Homo sapiens hereditary haemochromatosis protein precursor (HFE)
               gene, partial cds.
ACCESSION      AF184234
VERSION        AF184234.1  GI:6010710
KEYWORDS       .
SOURCE         human.
  ORGANISM     Homo sapiens
               Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
               Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
REFERENCE      1  (bases 1 to 772)
  AUTHORS      Kutlar,F., Sromek,E., Holley,L., Leithner,C., Nechtman,J. and
               Kutlar,A.
  TITLE        Two different mutations found in intron 4 of the human
               hemochromatosis gene, in a Turkish family
  JOURNAL      Unpublished
REFERENCE      2  (bases 1 to 772)
  AUTHORS      Kutlar,F., Sromek,E., Holley,L., Leithner,C., Nechtman,J. and
               Kutlar,A.
  TITLE        Direct Submission
  JOURNAL      Submitted (08-SEP-1999) Medicine/Hematology/Oncology/Sickle Cell
               Center, Medical College of Georgia, 15 th St., AC-1000, Augusta, GA
               30912, USA
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..772
                     /organism="Homo sapiens"
                     /db_xref="taxon:9606"
                     /chromosome="6"
                     /map="6p21.3"
                     /cell_type="white blood cell"
     gene            <1..>772
                     /gene="HFE"
     exon            130..405
                     /gene="HFE"
                     /number=4
     mRNA            join(<130..405,564..>677)
                     /gene="HFE"
                     /product="hereditary haemochromatosis protein precursor"
     CDS             join(<130..405,564..>677)
                     /gene="HFE"
                     /note="type I membrane protein; HLA-H"
                     /codon_start=3
                     /product="hereditary haemochromatosis protein precursor"
                     /protein_id="AAF01222.1"
                     /db_xref="GI:6010711"
                     /translation="PPLVKVTHHVTSSVTTLRCRALNYPQNITMKWLKDKQPMDAKE
                     FEPKDVLPNGDGTYQGWITLAVPPGEEQRYTCQVEHPGLDQPLIVIWEPSPSGTLVIG
                     VISGIAVFVVLFIGILFIILRKRQGS"
     variation       453
                     /gene="HFE"
                     /note="heterzygous"
                     /replace="g"
```

variation

       514
       /gene="HFE"
       /note="homozygous"
       /replace="a"

exon

       564..677
       /gene="HFE"
       /number=5

```
BASE COUNT      183 a       167 c       219 g       203 t
ORIGIN

Query Match                    7.1%;     Score 768.8;   DB 89;   Length 772;
Best Local Similarity         99.7%;     Pred. No. 1.7e-159;
Matches  770;   Conservative     0;  Mismatches     2;  Indels     0;  Gaps     0;

Qy   5477  CTCCTGTAGCTTGTTTTTTCTGAAAAGGGTATTTCCTTCCTCCCAACCTATAGAAGGAAG 5536
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1  CTCCTGTAGCTTGTTTTTTCTGAAAAGGGTATTTCCTTCCTCCCAACCTATAGAAGGAAG 60

Qy   5537  TGAAAGTTCCAGTCTTCCTGGCAAGGTAAACAGATCCCCTCTCCTCATCCTTCCTCTTT 5596
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     61  TGAAAGTTCCAGTCTTCCTGGCAAGGTAAACAGATCCCCTCTCCTCATCCTTCCTCTTT 120

Qy   5597  CCTGTCAAGTGCCTCCTTGGTGAAGTGACACATCATGTGACCTCTTCAGTGACCACTC 5656
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    121  CCTGTCAAGTGCCTCCTTGGTGAAGTGACACATCATGTGACCTCTTCAGTGACCACTC 180

Qy   5657  TACGGTGTCGGGCCTTGAACTACTACCCCCAGAACATCACCATGAAGTGGCTGAAGGATA 5716
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    181  TACGGTGTCGGGCCTTGAACTACTACCCCCAGAACATCACCATGAAGTGGCTGAAGGATA 240

Qy   5717  AGCAGCCAATGATGCCAAGGAGTTCGAACCTAAAGACGTATTGCCCAATGGGGATGGGA 5776
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    241  AGCAGCCAATGATGCCAAGGAGTTCGAACCTAAAGACGTATTGCCCAATGGGGATGGGA 300

Qy   5777  CCTACCAGGGCTGGATAACCTTGGCTGTACCCCCTGGGAAGAGCAGAGATATACGTACC 5836
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    301  CCTACCAGGGCTGGATAACCTTGGCTGTACCCCCTGGGAAGAGCAGAGATATACGTGCC 360

Qy   5837  AGGTGGAGCACCCAGGCCTGGATCAGCCCCTCATTGTGATCTGGGTATGTGACTGATGA 5896
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    361  AGGTGGAGCACCCAGGCCTGGATCAGCCCCTCATTGTGATCTGGGTATGTGACTGATGA 420

Qy   5897  GAGCCAGGAGCTGAGAAAATCATTGGGGGTGAGGGAGTGCCTGAGGAGGTAATTATG 5956
           |||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    421  GAGCCAGGAGCTGAGAAAATCATTGGGGGTTAAGGAGGAGTGCCTGAGGAGGTAATTATG 480

Qy   5957  GCAGTGAGATGAGGATCTGCTCTGTTCTGTTTTTAGAGCCCTCGGCCACCCTCGGCAATCAAAGGCT 6016
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    481  GCAGTGAGATGAGGATCTGCTCTGTTCTGTTTTTAGAGCCCTCGGCCACCCTCGGCAATCAAAGGCT 540

Qy   6017  TTAACTTGCTTTTTCTGTTTTAGAGCCCTCGGCCACCCTCGGCACCCAGTCATTGGAGTCAT 6076
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    541  TTAACTTGCTTTTTCTGTTTTAGAGCCCTCGGCCACCCTCGGCACCCAGTCATTGGAGTCAT 600

Qy   6077  CAGTGGAATTGCTGTTTTGTCGTCATCTTGTTCATTGGAATTTGTTCATAATATTAAG 6136
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    601  CAGTGGAATTGCTGTTTTGTCGTCATCTTGTTCATTGGAATTTGTTCATAATATTAAG 660

Qy   6137  GAAGAGGCAGGGTTCAAGTGAGTAGGAACAAGGGGAAGTCTCTTAGTACCTCTGCCCCA 6196
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    661  GAAGAGGCAGGGTTCAAGTGAGTAGGAACAAGGGGAAGTCTCTTAGTACCTCTGCCCCA 720

Qy   6197  GGGCACAGTGGGAAGAGAGGGGATCTGGCATCCATGGGAAGCATT 6248
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    721  GGGCACAGTGGGAAGAGAGGGGATCTGGCATCCATGGGAAGCATT 772

RESULT 14
AF301591
LOCUS          AF301591      3334 bp        DNA                  MAM      13-DEC-2000
DEFINITION     Ceratotherium simum HFE gene, exon 1 and partial cds.
ACCESSION      AF301591
```

VERSION   AF301591.1 GI:11692700
KEYWORDS   .
SOURCE   white rhinoceros.
ORGANISM   Ceratotherium simum
             Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
             Mammalia; Eutheria; Perissodactyla; Rhinocerotidae; Ceratotherium.
REFERENCE   1 (bases 1 to 3334)
AUTHORS   West,C.J., Worley,M. and Beutler,E.
TITLE   Rhinoceros HFE Polymorphisms
JOURNAL   Unpublished
REFERENCE   2 (bases 1 to 3334)
AUTHORS   West,C.J., Worley,M. and Beutler,E.
TITLE   Direct Submission
JOURNAL   Submitted (30-AUG-2000) Molecular and Experimental Medicine, The
             Scripps Research Institute, 10550 North Torrey Pines Road, La
             Jolla, CA 92037, USA
FEATURES   Location/Qualifiers
     source   1..3334
                     /organism="Ceratotherium simum"
                     /db_xref="taxon:9807"
     mRNA   <143..>218
                     /product="HFE"
     exon   143..218
                     /product="HFE"
                     /number=1
     CDS   143..>218
                     /codon_start=1
                     /product="HFE"
                     /protein_id="AAG39939.1"
                     /db_xref="GI:11692701"
                     /translation="MGPRARPALFFLILLRTVAAQGRPP"
BASE COUNT   790 a   759 c   917 g   868 t
ORIGIN

Query Match   6.8%; Score 740.2; DB 7; Length 3334;
Best Local Similarity 66.7%; Pred. No. 3.9e-153;
Matches 1638; Conservative   0; Mismatches 653; Indels 166; Gaps 34;

Qy   234 GGAAGTTTACTGGGCATCCTCTGAGCCTAGGCAATAGCTGTGTAGGGTGACTTCTGGAGCC 293
          | | || | ||| | || | |||||| ||||| || ||| ||||||| |||||||||
Db   17 GAAGTTTTTCTGAGATTTCCCCGAGCCTCGCAATGGCCAATGTGGGTGACTTCTTGGGTC 76

Qy   294 ATCCCCGTTTCCCCGGCCCCCCAAAAGAGCGGAGATTTAACGGGGACCTGCCGCCAGAGC 353
          | | ||||| ||||| | | |||| | || || || ||| ||||| ||| || ||
Db   77 ACTCCTATTTCCCCCGCCCACCGAAGCCAGCTGACA-CGGGCCAGCACCCGCGGCCAGC 135

Qy   354 TGGGGAAATGGGCCCGGAGCCAGGCCGCCGCCGCCTTCTCCTCCTGATGCTTTGCAGACCGC 413
          ||| || || ||| |||| | |||| |||| |||||||| || ||| || | |||| |
Db   136 CGGGGAAATGGGCCCGCGAGCCCCGCCGCCCCGACCCCGCTCTTCTTCCTGATCCTCCTGCGGGGGACCGT 195

Qy   414 GGTCCTCGCAGGGCGCTTGCGTCGTGAGTCCGGAGCTCGCGGGCGAACTAGGGGCGCGGGC 473
          | | |||||||| | | | |||| ||||| ||||| | | || || | |||||||||
Db   196 GGCCGCGCAGGGGCGACCACCGGCGTGAGTCGGGGCGTCGGGCGGTGCGCAAGACGGGGCGGGC 255

Qy   474 GGGGGTGGAAAATCGAAACTAGCTTTTCTTTGCGCTTGGAGTTTGCTAACTTTGGAG 533
          | | ||||| |||| ||| | | ||||||| || ||| |||| | | || | ||||
Db   256 GGGGCAGGGAGAAATCGAAACCAGC-TTTCCTAGCGCTTGGAGTTTGCTAAGTTCGCAG 314

Qy   534 GACCTGCTCAACCCTATCCGCAAGCCCTCCCTACTTTCTGCGTCCCAGACCCCGTGAG 593
          |||| | | ||| | || |||||||||||| | |||| | |||| ||||||||||
Db   315 GAACTTCTCAGCCCGTGCGCAGTCCCCGTCGGGGGCCTCCCCCCAACTTTCCCGGGGGTCTCC---GGG 372

Qy   594 GGAGTGCCTACCACTGAACTGCAGATGCAGATAGGGGCCTCCCTCGCCGCAAGAAACCCTGTTCCCTCCGCC 653
          ||| || | || | | | | | | |||||||||||||| | ||||| || |||||| | | ||||||
Db   373 CACTGGGATGCACATGCGGTTATGGGCCTCGCCGCGCAAGGGCCTTGAACGGCCGACTTTGAACCGGCCACTCCCT-TCCCCCAACTAG 432

Qy   654 CGCGTCCCGACCTTCGCGGAGTGACTTTGAACCGGCCACTTGG 712
          | ||| | | || || | | ||||||| | || ||||||
Db   433 CCCGTGTCCCTGCCTCCTCAGAGGAGCACTGAGCTCACTTGAGCTCGAGCTAAGCCTGAGCCGATCGT 492

Qy   713 AATGCTTTTAAATAAATCTCGTAGTTCCTCACTTGG 772
          | |||| || ||||| ||| | | |||| ||
Db   493 GACTCTTTTAAATAAATAAATCTTCGTTTCTCACTGAGGCCGAGCTAGGCCGCGAGCCCAGGAGCCTGGGACCTTG 552

Qy   773 GAACCTGAGAACTCGGGTT-TATTTCCAATGTCAGCTGTGCAGTTTTTCCCAGTCATCT 831
          || | || || | | |||| || |||||| | |||| ||||| || | || | ||
Db   553 GACTCAGATCTTGGTTTTTCTTGTTTTCTTCTCCTGTGATTTTGTTTTTATCCCTGGTCATCC 612

Qy   832 CCAAACAGGAAGTTCTTCC- 851
          || ||||||||||| || |
Db   613 CCAAACAGGAGAGTTCTTCTCACCAAAGGCGAACCTTGCCGGAGGCGTCCCCTCGGTGTGTC 672

Qy   852 --------------------TGAGTGCTTGCCGAGAAGGCTGAGCAACACCACAGCAGGATC 893
                              | | ||||| || ||| ||| | ||| || ||| | | |
Db   673 CACCCCAGGGCGCCGGAGGGCCGCCGAAGGGCGTTGGCGTGGGCGGTGGGGGGCGAAAGAGTGGCG 732

Qy   894 CGCACGGGGGTTTCCACCTCAGAACGAATGCGTTGGGCGTGGGGGGGCGAAAGAGTGGCG 953
          | | || | || ||| || || || | | || | || || | | ||| ||||
Db   733 CCAGCGGGGCTTCCATTCCAGAACTGCTCGTCGTGGGATTCGGGGCTCGGGGAGGAGTGGGG 792

Qy   954 TTGGGGATCGTGAATTCTTCACCATTCCACCACTTTGGTGAGACCGTGGGGTGGGAGGTCT 1013
          ||||| || ||| | |||| | | | | |||||| || | |||| |||||| |
Db   793 TTGGGGACCTGAATTCTACCCACCCTCTTTGGTGAGACCTGGAGTGGGAGGCCCC 852

Qy   1014 CT-AGGGTGGGAGGCTCCTGAGAGAGGCCTTTCCCCACTCTTGGCAATT 1072
          || | | || | | |||||||| || | ||||| | | ||||
Db   853 CTGGGGGTGGGAGGGTCCTGAGAGATATCTGCCCCTGGGCCT-CACGGACTCTCGGCCGATT 911

Qy   1073 GTTCTTTTGCCTGGAAAATTA--AGTAATGTTAGTTTGAACGTTTGAACTG-----AA 1125
          ||||||||| || ||| | || || | || | | |||| | || ||
Db   912 GTTCTTTTGCCTGGAAAGTAACCATTATCTGTTATTTTTGGAAGTTTTTGAACTTTTGAACTGACCGTAA 971

Qy   1126 CAATTCTCTTTTCGGCTAGGCTTTATTGATTTGCAATGTG------CTGTGTAATTAAG 1178
          | | | ||| | | | | | | | | | | ||||| | |||||| |||
Db   972 CAGCTCCTCGTTTCCGCCCGGGGATTTGTTGATTTTGCAGTGTTAATAGTACTGTGTAATTAAC 1031

Qy   1179 AGGCCTCTCT--------------ACAAAGTACTGATAATGAACATGTAAGCAATGACTCACTT 1229
          | || | ||| | | || | | | || | | | ||| | |||| ||
Db   1032 AGGGCTTTTACTACTTACTCATATC--TGATCTTATTTGATTTGCTGATAATTTCACTAGGCATTT 1091

Qy   1230 CTAAGTACATTCATATC--TGATCTTATTTGATTTGCTGATTGTGCATAGGGAGGTAGGAGG 1287
          |||| || | | | || || ||| |||| | |||| | | ||||| || | || | |
Db   1092 TTAAATCATTTCAGGTCTCTGGATCTTATTTGACTCGTATGCATTTGAGAGATAGGCG 1151

Qy   1288 CTAATAATAACGTTATTTACTAGAAGTTAACTGGAATTCAGATTATATAACTCTTTTCA 1347
          |||| ||| | || ||| ||| | ||| | | | || | || | |||| | |
Db   1152 CTATTAATATGTTGATTTTACTAGTTGGTTAACTGCGGCTCAGGTTAAAGAACTC--CCCA 1209

Qy   1348 GGTTACAAAGAACATAAAATAAATCTGGTTTCTCAGTATTCTCAAGTACTACAGCTGCTT 1407
          || || ||||| | | | || | | ||||| | ||| ||| ||| || || || |||
Db   1210 GGTTACAAAGAATTTAGGCAATCCGGTTTTCTGATGTTAAATGAAGTACCACCTGCCT 1269

Qy   1408 CTAATCTTAGTTGACAGTGATTTGCCCTGAGTTGACAGTGGTCTCAGCGTTTGTTGTAGTGATC 1466
          ||||| ||| | || ||| | |||| | | | ||||| | ||| ||| |||| || |||
Db   1270 CTAATCTTAACGGACTGAGTTGCCCTGCGATGTGGTACTACGTGATCTGTATCGTATCTTATAGTG 1329

Qy   1467 CGCCGGCCTCAGCGACAGCACTTGTATCTACAATTTTACACATG 1526
          | | | |||| || | | ||||| | | || | | ||||| |
Db   1330 ACATAGCCTCAGGACAACACTTTGAGGGTAGCTAGCATCTGTATCTGTATCCACATTTTATAGATG 1389

Qy   1527 ACAAGAATGAGGCAATGGCACGGCCCTGCTCCTGGCAAATTTATTCAATGTGACACTGGGC 1586
          ||||||| | |||| | || | ||| || | |||| || ||||| |||||
Db   1390 ACAAGAATAAGGCAT-----GACTTGCTCACTGGTAACTTTATTTGGTGTGTTTACTTCGTGTGC 1444

Qy   1587 TTTGGTTGCAGAGCTCATGTCTCCCACTTCATAGTCATGATTCTTAAACATCACACTGCAT 1646
          |||| | | ||||| ||| || | || | | | | || | | | || || || |||
Db   1445 TTGTGAGGCAACCCCATGTCCACCTTCGTAACTGCGATTCTCCAACATCACATGCAT 1504

Qy   1647 TAGAGGTTGAATAATAAAATTCATGTTGAGCAGAAATATTCATTGTTTACAAGTGTAA- 1705
          || || ||| |||| || |||| || | | || ||| | || || | | ||||||
Db   1505 CAGAGGTTGAATTCATAACATTTGATGTTGAACAGAAAGATTCATTGTTCCACAAGTGTACC- 1564

Qy   1706 ATGAGTCCAGCCATGTGTTGCACTGTTCAAGCCCCAGGGAGAGCAGGAAACAAGT 1765
          || | ||| || ||| ||| |||| || | ||| |||| | | || | | ||||
Db   1565 AACGGTGCCAAACGTGTGTTGTTCCATTGTTTCTCACTGAGGCCGAGCTAGGCCGGCTAGGGGAGGAGGAGCCAAGT 1624

```
Qy   8069  TAATTCTATGAGATAGGTACTATTATCCCATTTCTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGTA  8128
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    726  TAATTCTATGAGATAGGTACTATTATCCCCATTTCTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGTA  785

Qy   8129  GGCCGGGCA  8137
            |||||||||
Db    786  GGCCGGGCA  794


Search completed: July  6, 2001, 20:30:04
Job time: 43223 sec
```

```
                    GenCore version 4.5
                    Copyright (c) 1993 - 2000 Compugen Ltd.

OM nucleic - nucleic search, using sw model

Run on:     July 6, 2001, 08:29:41 ; Search time 584.14 Seconds
                                     (without alignments)
                                     11635.969 Million cell updates/sec

Title:          US-09-497-957-3
Perfect score:  10825
Sequence:       1 TCTTAAGGTTGAGATAAAATT.........TCCCCAAATTTTCATAAAC 10825

Scoring table:  IDENTITY_NUC
                Gapop 10.0 , Gapext 1.0

Searched:       730101 seqs, 313950809 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters:        1460202

Minimum DB seq length: 0
Maximum DB seq length: 2000000000

Post-processing: Minimum Match 0%
                 Maximum Match 100%
                 Listing first 45 summaries

Database :      N_Geneseq_0601:*
         1:  /SIDS1/gcgdata/geneseq/geneseq/NA1980.DAT:*
         2:  /SIDS1/gcgdata/geneseq/geneseq/NA1981.DAT:*
         3:  /SIDS1/gcgdata/geneseq/geneseq/NA1982.DAT:*
         4:  /SIDS1/gcgdata/geneseq/geneseq/NA1983.DAT:*
         5:  /SIDS1/gcgdata/geneseq/geneseq/NA1984.DAT:*
         6:  /SIDS1/gcgdata/geneseq/geneseq/NA1985.DAT:*
         7:  /SIDS1/gcgdata/geneseq/geneseq/NA1986.DAT:*
         8:  /SIDS1/gcgdata/geneseq/geneseq/NA1987.DAT:*
         9:  /SIDS1/gcgdata/geneseq/geneseq/NA1988.DAT:*
        10:  /SIDS1/gcgdata/geneseq/geneseq/NA1989.DAT:*
        11:  /SIDS1/gcgdata/geneseq/geneseq/NA1990.DAT:*
        12:  /SIDS1/gcgdata/geneseq/geneseq/NA1991.DAT:*
        13:  /SIDS1/gcgdata/geneseq/geneseq/NA1992.DAT:*
        14:  /SIDS1/gcgdata/geneseq/geneseq/NA1993.DAT:*
        15:  /SIDS1/gcgdata/geneseq/geneseq/NA1994.DAT:*
        16:  /SIDS1/gcgdata/geneseq/geneseq/NA1995.DAT:*
        17:  /SIDS1/gcgdata/geneseq/geneseq/NA1996.DAT:*
        18:  /SIDS1/gcgdata/geneseq/geneseq/NA1997.DAT:*
        19:  /SIDS1/gcgdata/geneseq/geneseq/NA1998.DAT:*
        20:  /SIDS1/gcgdata/geneseq/geneseq/NA1999.DAT:*
        21:  /SIDS1/gcgdata/geneseq/geneseq/NA2000.DAT:*
        22:  /SIDS1/gcgdata/geneseq/geneseq/NA2001.DAT:*
```

Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a
score greater than or equal to the score of the result being printed,
and is derived by analysis of the total score distribution.

SUMMARIES

	Result No.	Score	% Query Match	Length	DB	ID	Description
	1	10825	100.0	10825	22	AAC68426	Human hereditary h
	2	10823.4	100.0	10825	22	AAC68425	Human hereditary h
	3	10823.4	100.0	10825	22	AAC68428	Human hereditary h
	4	10821.8	100.0	10825	22	AAC68427	Human hereditary h
	5	10817	99.9	10825	18	AAT96690	Hereditary haemoch
	6	10760.2	99.4	12146	22	AAA96794	Genomic DNA of a h
c	7	10709	98.9	237336	19	AAV57903	Hereditary haemoch
c	8	3109	28.7	235033	21	AAV57926	Hereditary haemoch
	9	1051.6	9.7	2506	21	AAA96769	cDNA sequence enco
	10	1051.6	9.7	2727	19	AAV23525	Haemochromatosis g
	11	517	4.8	517	22	AAC68441	Human hereditary h
	12	515.4	4.8	517	22	AAC68440	Human hereditary h
	13	357.4	3.3	359	20	AAX16055	Hereditary hemochr
	14	355.8	3.3	14796	19	AAV27941	Survivin gene. Ho
	15	328.6	3.0	23241	22	AAF97870	Human neuroblastom
	16	328.6	3.0	23241	22	AAF97871	Human neuroblastom
c	17	324.2	3.0	119950	20	AAX90201	Human yes1 gene.
c	18	322.8	3.0	15977	22	AAF63407	Human CD39 like pr
	19	321	3.0	1440	18	AAT96691	Hereditary haemoch
	20	321	3.0	1440	22	AAC68429	Human hereditary h
	21	321	3.0	1440	22	AAC68430	Human hereditary h
	22	320.8	3.0	22481	17	AAT11658	PEDF full length s
c	23	320.2	3.0	22481	17	AAT11658	PEDF full length s
	24	319.4	3.0	1440	22	AAC68431	Human hereditary h
	25	319.4	3.0	1440	22	AAC68432	Human hereditary h
	26	318.8	2.9	240825	22	AAF24497	Human PG-3 gene.
	27	318.6	2.9	15977	22	AAF63407	Human CD39 like pr
c	28	317.8	2.9	240825	22	AAF24497	Human PG-3 gene.
c	29	314.2	2.9	160552	22	AAD02697	Human glycosyl sul
	30	310.2	2.9	162450	21	AAZ86957	Retinoblastoma bin
c	31	309.6	2.9	1901	20	AAZ01024	Partial human PG1
c	32	309.6	2.9	56516	20	AAZ00870	PG1 genomic coding
c	33	309.6	2.9	56520	20	AAZ01022	Wild type PG1 codi
c	34	306.2	2.8	14796	19	AAV27941	Survivin gene. Ho
c	35	305.4	2.8	21721	20	AAX83427	Human lipolysis st
c	36	305.4	2.8	23187	21	AAA50273	Human lipolysis st
c	37	305.4	2.8	23187	22	AAF62331	Human leptin fragm
c	38	305.2	2.8	10825	22	AAC68425	Human hereditary h
c	39	305.2	2.8	10825	22	AAC68426	Human hereditary h
c	40	305.2	2.8	10825	22	AAC68427	Human hereditary h
c	41	305.2	2.8	10825	22	AAC68428	Human hereditary h
c	42	305.2	2.8	12146	22	AAA96794	Genomic DNA of a h
c	43	305.2	2.8	237326	21	AAV57903	Hereditary haemoch
c	44	303.8	2.8	99960	21	AAZ50905	Human TBC-1 partia
c	45	303.6	2.8	10825	18	AAT96690	Hereditary haemoch

ALIGNMENTS

```
RESULT 1
AAC68426
ID   AAC68426 standard; DNA; 10825 BP.
XX
AC   AAC68426;
XX
DT   21-FEB-2001  (first entry)
XX
DE   Human hereditary hemochromatosis 24d1 mutation DNA.
XX
KW   HH; hereditary hemochromatosis; chelation agent;
KW   T-cell differentiation factor; iron overload; ds.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
PN   US6140305-A.
XX
PD   31-OCT-2000.
XX
PF   04-APR-1997;   97US-0834497.
XX
PR   04-APR-1996;   96US-0630912.
PR   16-APR-1996;   96US-0632673.
PR   23-MAY-1996;   96US-0652265.
XX
PA   (BIRA ) BIO-RAD LAB INC.
XX
PI   Thomas WJ, Drayna DT, Gnirke A, Ruddy D, Tsuchihashi Z, Wolff RK;
PI   Feder JN;
XX
DR   WPI; 2001-006341/01.
DR   P-PSDB; AAB36870.
XX
PT   New hereditary hemochromatosis gene products or polypeptides, useful
```

```
PT  for treating hereditary hemochromatosis in a patient, and as a metal
PT  chelation agent alleviating iron overload -
XX
PS  Disclosure; Fig 3; 108pp; English.
XX
CC  The present invention relates to hereditary hemochromatosis gene
CC  products. These proteins may be used to treat a patient diagnosed as
CC  having human hemochromatosis disease. It is also useful as a metal
CC  chelation agent or as a T-cell differentiation factor, and for
CC  alleviating iron overload. They may also be used in protein replacement
CC  therapy for individuals having a defective human hemochromatosis gene.
XX
SQ  Sequence 10825 BP; 2999 A; 2253 C; 2647 G; 2926 T; 0 other;

Query Match         100.0%;  Score 10825;  DB 22;  Length 10825;
Best Local Similarity  100.0%;  Pred. No. 0;
Matches 10825;  Conservative  0;  Mismatches  0;  Indels  0;  Gaps  0;

Qy        1 TCTAAGGTTGAGATAAAAATTTTAAAGTATGATTGAATTTTGAAAATCATAAAATATTTA 60
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1 tctaaggttgagataaaaattttaaatgtatgattgaattttgaaaatcataaaatattta 60

Qy       61 AATATCTAAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTTCCCAATCAACACACCCCT 120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       61 aatatctaaagttcagatcagaacattgcgaagctactttcccaatcaacacaccccct 120

Qy      121 TCAGGATTTAAAAACCAAGGGGACACTGGATCGGTGTTCACCTAGTGTTCACAAGCAGGTACCTT 180
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      121 tcaggatttaaaaaccaaggggacactggatcggtgttcaccagtgttcacaagcaggtacctt 180

Qy      181 CTGCTGTAGGAGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTTGCTTTTCACCGGAGTT 240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      181 ctgctgtaggagagagaactaaagttctgaaagacctgttgctttttcaccggaggagtt 240

Qy      241 TTACTGGGCATCTCCTGAGCCTAGGCAATAGCTGTAGGGTGACTTCTGAGGCATCCCCG 300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      241 ttactgggcatctcctgagcctaggcaatagctgtaggtggtgacttctgaggccatccccg 300

Qy      301 TTTCCCCGCCCCCAAAAGAAGCGGAGATTTAACGGACGGTGCGGCCCAGAGCTGGGGAA 360
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      301 tttccccgcccccaaaagaagcgggagatttaacggacgggtgcggcccagagctgggggaa 360

Qy      361 ATGGGCCCCGAGCCCAGGCCGCCGGCCGTTCTCCTGATGCGTTTTGCAGAGACCCGGTCCTG 420
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      361 atgggcccgagcccaggccgccggccgctcctctccctgatgctttgcagagaccgcggtcctg 420

Qy      421 CAGGGGCCGCCGTTGCTCGTGCGGCTCCGAGGGCTGCGGCAACTAGGGGCGGCGCGGGGTG 480
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      421 caggggccgcttgctcgtgcgtgcggctccgagggctgcgggcgaactagggggcggcgcggggtg 480

Qy      481 GAAAAATCGAAACTAGCTTTTCTTTTCGGCTTTCGCTTGGAGTTTGCTAACTTTGAGGACCTGC 540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      481 gaaaaatcgaaactagctttttctttttcggcttcgcttggagtttgctaacttttggaggacctgc 540

Qy      541 TCAACCCTATCCGCAAGCCCCTCCCTCCCACTTTCTGCGCTCCCCAGGACCCCGGTGAGGGAGTGC 600
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      541 tcaaccctatccgcaagcccaagcccctcctcctctgcgctcccccagggtcccagaacccgtgagggagtgc 600

Qy      601 CTACCACTTGAACTGCAGATAGGGGTCCGCGGCCCCCGCCCCCGCCCCCAGGACCTGCCCCGCTGT 660
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      601 ctaccacttgaactgcagatcagatagggggtcctgacctgagctaagcgcggtaagccctggccccccggctgt 660

Qy      661 CCCGGCTCTGCCGGAGTGACTTTTGGAACCGGCGCTAAGCCTGGGGGCCTGAGCTAAGCAATGCTTT 720
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      661 ccggcccgagctgctgcggtagggggtgacttttggaaccgccgctgagctagcctggggctcctgagctaggga 720

Qy      721 TAATAAATCTCGTAGTTCCTCCACTTGGACCTGGCTAAGCCTCGGGGGCTCCTTGAACCTGG 780
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      721 taataaatctcgtagttcctccacttctgagctcacttgggctccgtaagcctgagctaggactagaatgctttt 780

Qy      781 AACTCGGTTTATTTCCAAGTCAGCTGTGCAGTTTTTCCCAGTCATCTCCAAACAGG 840
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      781 aactcggtttattttccaatgtcagcttgtgcagtttttcccagtcatctccaaacagg 840
```

```
Db      781 aactcggttatttccaatgtcagctgtgcagtttttcccagtcatctccaaacagg 840
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy      841 AAGTTCTTCCCTGAGTCGTTGCCGAGAAGGCTGAGCAAAACCCACAGCAGGATCCGCACGG 900
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      841 aagttcctcctgagtgcttgccgagaaggctgagcaaaacccacagcaggatccgcacgg 900

Qy      901 GGTTCCACCTCAGAACGAATGCGTTGGGCGGTTGGGCCGGTGGGGCGGCCGAAAAGAGTGGCGGTTGGGGA 960
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      901 ggttccacctcagaacgaatgcgttgggcggttgggcggttgggccggtggggcggccgaaaagagtggcgttgggga 960

Qy      961 TCTGAATTCTTCACCATTCCACCCACTTTTGTGACAACCTGGGTGGAGGTCTCAGGGT 1020
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      961 tctgaattcttcaccattccaccccacttttggtgagacctgggtgagcctgggggtgtcctaggt 1020

Qy     1021 GGGAGGCTCCTGAGAGAGGCCTACCTCCCGGGCCTTCCCCACTCCTTGGCAATTGTCTTTT 1080
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1021 gggaggctcctgagagaggcctaccctcccgggcctttcccactcctggcaattgtctttt 1080

Qy     1081 GCCTGAAAATTAAGTATAGTGTTAGTTTGAACGTTTGAACTGAACAATTCTCTTTTCGG 1140
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1081 gcctgaaaattaagtatatgtgttagtttgaacgtttgaactgaacaattctcttttcgg 1140

Qy     1141 CTAGGCTTTATTGATTTGCAATGTCGTGTGTAATTAAGAGGCCTCTACAAAGTACTGA 1200
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1141 ctaggctttattgatttgcaatgtcgtgtgtgtaattaagaggcctcctacacaaagtactga 1200

Qy     1201 TAATGAACATGTAAGCAATGCACTCACTTCTAAGTTACATTCAATTCATATCTGATCTTATTTGA 1260
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1201 taatgaacatgtaagcaatgcactcacttctaagttacaatcattcaatatctgatcttattttga 1260

Qy     1261 TTTTCACTTAGGCATAGGGAGTAGGGAGGTAGGAGCTAATAAATACGTTTATTTTACTGAGAGTTAACT 1320
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1261 ttttcacttaggcataggggaggggaggtaggagctaataaatacgtttattttactagaagttaact 1320

Qy     1321 GGAATTCAGATTATATAACTCTTTCAGGTTACAAAGAACATAAATAATCTGGTTTCTG 1380
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1321 ggaattcagattatataactcttttcaggttacaaagaacataaataatcggttttctg 1380

Qy     1381 ATGTTATTTCAAGTACTACAGCTGCTTCTAATCTTAGTTGACAGTGATTTTGCCCGTAG 1440
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1381 atgttatttcaagtactacagctgcttctaatcttagttgacagtgatttgtttgcccgtag 1440

Qy     1441 TCTAGCACAGTGTTCTGTGGTCACACGCCCGGCCTCAGCACCACACTTTGAGTTTGGTA 1500
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1441 tgtagcacagtgttctgtgggtcacacgccgcctcagcacgacacttttgagtgttttggta 1500

Qy     1501 CTACGTGTATCCACATTTACACATGACAAGAATGAGGCACAGCGACCTGCTTCCTGG 1560
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1501 ctacgtgtatccacatttacacatgacaagaatgaggcatggcacaggcgacctgcttcctgg 1560

Qy     1561 CAAATTATTCAATGGTACACTGGGCTTTGGTGGCAGAGCTCATGTCCCACTTCATAGC 1620
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1561 caaatttattcaatggtacactgggcttggtggcagagctcatgtctccacttcatagc 1620

Qy     1621 TATGATTCTTAAACATCACACTGCATTAGAGGTTGAATAATAAAATTTCATGTTGAGCAG 1680
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1621 tatgattcttaaacatcacacatgcattagaggttgaataataaaatttcatgttgagcag 1680

Qy     1681 AAATATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGTCCCAGCGTTGTTGCACTGTTGCAAGCCC 1740
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1681 aaatattcattgtttacaagtgtaaatgagtgcccagcgttgttgcactgtgttgcaagccc 1740

Qy     1741 CAAGGAGAGAGCAGGGGAAACAGTCTTTACCCTTTGATATTTCATTCTAGTGGGGAGA 1800
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1741 caaggagagagcaggggaaacagtcttttaccctttgatattttgatatttgcattcagtgggaga 1800

Qy     1801 GATGACAATAAGCAACAAATGAGCAGAAAGATATACAACATCAGGAAATCATGGGTGTTGTGA 1860
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1801 gatgacaataagcaacaaatgagcagaaaagatatacaacatcaggaaatcatgggtgttgtgta 1860

Qy     1861 GAAGCAGAAGTCAGGCAAGTCACTCGGGCTCACCCTGGGGCTGCCACTCACTCAGAGGA 1920
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1861 gaagcagaagtcagggcaagtcactcgggctcacctgggcgctgacacttgactgcagagga 1920
```

```
Qy  1921  AATAAGAATGATATTGACTGGGAGCAGTATTCCCAGGCAAACTGAGTGGCCTGGCAAG  1980
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1921  aataagaatgatattgactgggagcagtattcccaggccaggccagtggccctggcaag  1980

Qy  1981  TTGGATTAAAAGCGGGTTTCTCAGCACTACTCATGTGTGTGTGTGGGGGGGGGGG     2040
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1981  ttggattaaaaagcgggtttctcagcactactcatgtgtgtgtgtgtgggggggggggg  2040

Qy  2041  CGGCGTGGGGGTGGGAAGGGGGACTACCATCTGCATGTAGGAGTCTCAGTATCCTGT   2100
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2041  cggcgtgggggtgggaagggggactaccatctgcatgtaggatgtctcagtatcctgt  2100

Qy  2101  CCTCCTACTCACTAGGTGCTAGGAGCACTCCCCCAGTCTTGACAACCAAAATGTCTCT   2160
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2101  cctcctactcactaggtgctaggagcactcccccagtcttgacaaccaaaatgtctct  2160

Qy  2161  AAACTTTGCCACATGTCACCTAGTAGACAAACTCCTGGTTAAGAAGCTCGGGTTGAAAAA  2220
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2161  aaactttgccacatgtcacctagtagacaaactcctggttaagaagctcgggttgaaaaa  2220

Qy  2221  AATAAACAAGTAGTGCTGGGGAGTAGAGGCTCAGGAGTAATGGGCTCAGAAGAGGA     2280
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2221  aataaacaagtagtgctgggggagtagaggctcaggagtaatgggctcagaagagga  2280

Qy  2281  GCCACAAACAAGGTTGTGCAGGCGCCTGTAGGCTGTGGTGTGAATTCTAGCCAAGGAGTA  2340
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2281  gccacaaacaaggttgtgcaggcgcctgtaggctgtggtgtgaattctagccaaggagta  2340

Qy  2341  ACAGTGATCTGTCACAGGCTTTAAAAGATTGTCTCTGGCTGCTATGTGGAAAGCAGAATG  2400
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2341  acagtgatctgtcacaggcttttaaaagattgtctctggctgctatgtggaaagcagaatg  2400

Qy  2401  AAGGGAGCAACAGTAAAAGCAGGGAGTGGGGTGGGCTGGCTCCAGGAAGCTGTTACACAGTCCAGGCAAG  2460
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2401  aagggagcaacagtaaaagcaggggagtgggctggctccaggaagctgttacacagtccaggcaag  2460

Qy  2461  AGTAGTGGAGTGGGCTGGCTGGGGTGGGAACAGAAAAAGGGAGTGACGAACCATTGTTCCTCTGAA  2520
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2461  agtagtggagtgggctggctgggggtgggaacagaaaaagggagtgacgaaccattgttcctctgaa  2520

Qy  2521  TATATTCTGAAGGAAGTTCTGAAGGATTCTATTGTGTGACAGAAAGAGAGAGAATTGG  2580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2521  tatattctgaaggaagttgctgaaggattctatgtgtgtgagagagagaagagaagaattgg  2580

Qy  2581  CTGGGTGTAGTAGCTCATGCCAAGGAGGGCCAAGGAGAGCAGATTCCTGAGCTCCAGGA  2640
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2581  ctgggtgtagtagctcatgccaaggaggggccaaggagagcagattcctgagctccagga  2640

Qy  2641  GTTCAAGACCAGCCTGGGCAACACAGCCAAAACCCCTTCTCTACAAAAATACAAAAATTA  2700
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2641  gttcaagaccagcctgggcaacacagccaaaacccctctctctacaaaaaatacaaaaatta  2700

Qy  2701  GCTGGGTGTGGTGGCATGCACCTGTGATCCTAGCTACTCGGGAGGCTGAGGTGGGAGGGTA  2760
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2701  gctgggtgtggtggcatgcacctgtgatcctagctactcgggaggctgaggtgggaggggta  2760

Qy  2761  TTGCTTGAGCCCAGGAGGTTGAGGCTGCAGAGCCCATGAGCCACTGCACTCCAGCCTGACTTCAGC  2820
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2761  ttgcttgagcccaggaaggttgaggctgcagagcccatgagccactgcactccagcctgacttcagc  2820

Qy  2821  CTAGGTGACAGAGCAAGACCCTGTCTCCCCTGACCCCTGAAAAGAAGAGAGTTAAAGT  2880
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2821  ctaggtgacagagcaagagcctgtctccccctgacccctgaaaaagaagagagttaaagt  2880

Qy  2881  TGACTTTGTTCTTTATTTTAATTTTATTGGCCTGAGCAGTGGGCTAATTGGCAATGCCAT  2940
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2881  tgacttttgttctttatttttaattttattggcctgagcagtgggcttaattggcaatgccat  2940

Qy  2941  TTCTGAGTGGTGAAGGCAGAGGAAAGAGCAGTTTGGGTAAATCAAGGATCTGCATTTG  3000
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2941  ttctgagtggtgaaggcagaggaaagagcagtttgggtaaatcaaggatctgcatttg  3000
```

```
Qy  3001  GGACATGTTAAGTTTGAGATTGTTCCAGTCAGGCTTCCAAGTGGTGGAGGCCCACATAGGCAGTT  3060
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3001  ggacatgttaagttgagattggagatccagtcaggcttccaagtggtgagccacataggcagtt  3060

Qy  3061  CAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGGCACGGTGGCTCACTCTGTAATCCCAGCACT  3120
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3061  cagtgtaagaattcaggaccaaggctgggcacggtggctcacttctgtaatcccagcact  3120

Qy  3121  TTGGTGGCTGAGGCAGGCAGGTAGATCATTTGAGGTCAGGAGTTGAGACAAGCTTGGCCAACA  3180
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3121  ttggtggctgaggcaggcaggtagatcatttgaggtcaggagtttgagacaagcttggccaaca  3180

Qy  3181  TGGTGAAACCCCATGTCTACTACAAAAATACAAAAATTAGCCGGGCACCCT  3240
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3181  tggtgaaaccccatgtctactacaaaaatacaaaaattagccgggcacgcct  3240

Qy  3241  ATAGTCCCAGGTTTTCAGGAGGCTTAGGTAGGAGAATCCCTTGAACCCAGGAGGTGCAGG  3300
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3241  atagcccaggtttcaggaggcttaggtaggagaatcccttgaacccaggagggtgcagg  3300

Qy  3301  TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCAGCCTGGGTGGTGATAGGATGAGACTTCTGT  3360
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3301  ttgcagtgagctgagattgtgccactgcagcctcccagcctgggtgtgatagagtgagactcctgt  3360

Qy  3361  CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATTTGGG  3420
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3361  ctcaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaactgaaggaattattcctcaggattttggg  3420

Qy  3421  TCTAATTGCCTGAGCACCAACTCCTGAGTTCAACTACCATGGCTAGACACACCTTAAC  3480
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3421  tctaatttgcctgagcaccaactcctgagttcaactacacatggctagacacacccttaac  3480

Qy  3481  ATTTTCTAGAATCACCACCAGCTTTAGTGGAGTCTGTCTAATCATGAGTATTGGAATAGGAT  3540
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3481  attttctagaatccaccacccagctttagtggagtctgtctaatcatgagtattggaataggat  3540

Qy  3541  CTGGGGCAGTGAGGGGTGGGCAGCCAGGTGTGTGGCAGAGAAAAGCCACACAGGGAAAGAGC  3600
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3541  ctggggcagtgagggggtggtggcaccacctgtgtgcagagaaaagccacacaggaaaggagc  3600

Qy  3601  ACCCAGGACTGTCATATGCATATGGAAGAAGAACAGGACTGCAACTCACCCTTCACAAAATGAGGA  3660
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3601  acccaggactgtcatatggaagaaagacaggactgcaactcaccctttcacaaaatgagga  3660

Qy  3661  CCAGACACAGCTGATGGTATGAGTTGATCGCAGTGTGTGGAGCCTCAACATCCTGCTCCC  3720
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3661  ccagacacagctgatgggtatgagttgatcgcagtgtgtggagcctcaacatcctgctccc  3720

Qy  3721  CTCCTACTACACATGGTTAAGGCCTGTTGCTCTGTCGTCTCCCAGGTTCACACTCTTCTGCACTA  3780
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3721  ctcctactacacatggttaaggcctgttgctctgtcgtctcccaggttcacactctctgcacta  3780

Qy  3781  CCTCTTCATGGGTGCCTCAGCAGCAGGACCTGGCTCTTCCTGTTGAAGCTTGGGGCTA  3840
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3781  cctcttcatgggtgcctcagcagcaggacctgagcctgttcctgttgaagctttgggcta  3840

Qy  3841  CGTGATGACCAGCTGTTCTGTGTTCTATCATCATGAGATCATGATCATGGTCATGGTGTCCGTGTGTGGAGCCCCGAAC  3900
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3841  cgtggatgaccagctgttcgtgttctgtgttctatcatgatcatgatcatggtcgtgtggagcccgaac  3900

Qy  3901  TCCATGGTTTCCAGTAGATTTCAAGCCAGATCTGGCTGCGACTGGGCTGACTCAGAGTCTGAA  3960
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3901  tccatggtttccagtagatttcaagcctgaatttcaagccagatgggctgcagtgggctgcagagtctgaa  3960

Qy  3961  AGGGTGGGATCACATGTTCACTGTTGACTTCTGTAATTGGCCATTATATGGAAAATCAACCACAG  4020
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3961  agggtgggatcacatgttcactgttgacttctgtaattggccattatatggaaaatcaccaccag  4020

Qy  4021  CAAGGGTATGTGGAGAGGGGGCCTCACCTTCCTGAGGTTGTCACCTTTCATCTTTTC  4080
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4021  caagggtatgtggagagggggccctcaccttcctgaggttgtcagagcttttcatcttttc  4080

Qy  4081  ATGCATCTTGAAGGAAAACAGCTGGAAGTCTGAGGTCTTCTGGGACAGGAGGGGAAG  4140
```

us-09-497-957-3.rng

Mon Jul 9 10:09:30 2001

```
Db          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    5161  atatcaagtgaggccacttatcagagtagaagaatccttaggtaaagtttcttcat  5220
Qy    5221  AGAACATAGCAATAATCATCACTGAAGCTACCTATCTTACAAGTCCGCTTCTTATAACAACATGC  5280
            ||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||
Db    5221  agaacatagcaataatcactgaagctacctatcttacaagtccgcttcttataacaatgc  5280
Qy    5281  CTCCTAGGTTGACCCAGGTGAAACTGACCATCGTATTCAATCATTTCAATGCACATAA  5340
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    5281  ctcctaggttgaccccaggtgaaactgaccatcgtattcaatcatttcaatgcacataa  5340
Qy    5341  AGGGCAATTTATCTATCAGAACAAAGAACATGGTAACAGATATGTATATTTACATGTG  5400
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    5341  agggcaatttatctatcagaacaaagaacatggtaacagatatgtatatttacatgtg  5400
Qy    5401  AGGAGAACAAGCTGCATCTGACTGCTGCCTCCAAGTGCACACGTGTTGTGGTAGAGTCCTAGG  5460
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    5401  aggagaacaagctgcatctgactgctgcctccaagtgcacacgtgttgtggtagagtccaatcttagg  5460
Qy    5461  ACACAAATGGTGTCTCCTCCGTAGCTTGTTTTTTCGAAAAGGGTATTTCCTTCCTCC  5520
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    5461  acacaaaatggtgtctcctccgtagcttgtcttttctgaaaaggtattcctccctcctcctc  5520
Qy    5521  AACCTATAGAAGGAAGTGAAAGTTCCAGTCTTCCGTTCCTTGGTGAAGGTAAACACATGTGACC  5580
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    5521  aacctatagaaggaagtgaaagttccagtcttccgtgcctggcaaggtaaacagatcccctctc  5580
Qy    5581  CTCATCCTTCCTCTTCCTCTCAAGTGCCTCCCTTGGTGAAGGTGACACATCAGTGACC  5640
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    5581  ctcatcctttcctctccctgtcaagtgcctcccttggtgaaggtgacacatcatgtgacc  5640
Qy    5641  TCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGCGGCCTTGAACTACTACCCCAGAACATCACCATG  5700
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    5641  tcttcagtgaccactctacggtgtcgcggcctgaactactaccccagaacatcaccatg  5700
Qy    5701  AAGTGGCTGAAGGATAAGCAGCAGCCAATGAGCAGCTCGAACCTAAAGACGTATTG  5760
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    5701  aagtggctgaaggataagcagcagccaatggcaggagttcgaacctaaagacgtattg  5760
Qy    5761  CCCAATGGGATGGGACCTACCAGGGCTGGATAACCTTGGCTGTCGTGTACCCCTGGGGAAGAG  5820
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    5761  cccaatgggatgggacctaccagggctggataaccttggctgtcgtgtacccctggggaagag  5820
Qy    5821  CAGAGATATACGTACCAGGTGGAGCACCCAGGCCTGGATCAGCCCTCCATTGTGATCTGG  5880
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    5821  cagagatatacgtaccaggtggagcacccaggcctggatcagccctccattgtgatctgg  5880
Qy    5881  GGTATGTCACTGACTGATGAGAGCCAGGAGACTGAGCAAAATCTATTGGGGTTGAGGAGTGCC  5940
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    5881  ggtatgtgactgatgagagccaggagactgagcaaaatctattggggttgaggagtgcc  5940
Qy    5941  TGAGGAGTAATTATGCAGTGAGATGAGAGTGAGATGAGAGGGGAAGTCTCT  6000
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    5941  tgaggagtaattatgcagtgagatgagagtgagatgagaggggaagtctct  6000
Qy    6001  GTGGCAATCAAAGGCTTTAACTTGCTTTTCGTTTTTCGTTTTTCTCGTCTTCTTGTTTTGTCGTCCAACCCGTCTGGCACCC  6060
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6001  gtggcaatcaaaggcttttaacttgctttttcttttcgttgtgttcattgtgttcattgttcattgtcctgcgcaccc  6060
Qy    6061  TAGTCATTGGAGTCATCACATGCTGAATTGCTGTTTTGTCGTCATCTTGTTCATTGGAATTT  6120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6061  tagtcattggagtcatcagtggaattgctgtttgtcgtcatctgttcattggaattt  6120
Qy    6121  TGTTCATAATATTAAGGAACAGACGCAGGGTTCAAGTGAGTAGGAACAAGGGGGAAGTCTCT  6180
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6121  tgttcataattaagggaggaagcaggggtcaagtgagtagtgagtagtgaagtctct  6180
Qy    6181  TAGTACCCTGCCCCAGGGCACGGAGGCACAGTGGGACGGGATCTGGCATCCATGGG  6240
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6181  tagtacctctgcccccaggggcacagtgggaaggagggggatctggcatccatggg  6240
Qy    6241  AAGCATTTTTCTCATTTATATTCTTgggggaccagcagcctcccctgggacagaaat  6300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6241  aagcattttctcattatattccttgggggaccagcagcctcccctgggacagaaaat  6300
```

```
Db          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4081  atgcatcctgaaggaaacagctgagtctgagtctgtgggagcaggagggaagggaag  4140
Qy    4141  GAATTGCTTCCTCGAGATCATTGGCTGGGATGCGTGGAAATAGGGACCTATTCCTT  4200
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4141  gaattgcttcctgagatcattggtccttgggggatggtggaaataggggacctattcctt  4200
Qy    4201  TGGTTGCAGTTAACAAGGCTGGGGATTTTCCAGAGTCCCACACCCTGCAGGTCATCCTG  4260
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4201  tggttgcagttaacaaggctggggatttttccagagtcccacaccctgcaggtcatcctg  4260
Qy    4261  GGCTGTGAAATGCAAGAAGCAACAAGTACCGAGGCTACTGGAAGTACCGGCTACGGGTATGATGGG  4320
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4261  ggctgtgaaatgcaagaagcaacaagtaccgaggctactggaagtacgggtatgatggg  4320
Qy    4321  CAGGACCACCTTGAATTCTGCCCCTGACACACTGGATTGGAGAGCAGCAGAACCCAGGGCC  4380
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4321  caggacacccttgaattctgcccctgacacactggattggagagcagcagaaccaggggcc  4380
Qy    4381  TGGCCCACCAAGCTGGAGTGGGAAAGGCACACAAGATTCGGGCCAGGCAGCAGAACACAGGGCCTAC  4440
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4381  tggccccaccaagctggagtgggaaaggcacaagattcgggccaggcaggcagaacaggtcctac  4440
Qy    4441  CTGGAGAGGGACTGGACTGCCCTGCCAGCTGCAGCAGTGCTGCTAGCGAGCTGGGAGGCTGGGAGGGTGTTTTG  4500
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4441  ctggagagggactggactgcccgcagctgctgagctggggcagagtggagggagggtgtttg  4500
Qy    4501  GACCAACAAGGTATGGTGGAAACACACTTCTGCCCCTATACTCTACTGGCAGAGTGGAGG  4560
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4501  gaccaacaagg tatggtggaaacacactctgcccctatactctagtgcagagtggagg  4560
Qy    4561  AGGTTGCAGGGCACGGAATCCCTGGTTTGGAGTTTCAGAGGTGGCTGAGGCTGTGTGCCTC  4620
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4561  aggttgcagggcacggaatccctggttggagtttcagaggttcagaggtggctgagggctgcctc  4620
Qy    4621  TCCAAATTCTGGAAGGGACTTTCTCAATCCTCCAGAGTCTCTCACCTTATAATTGAGATGTA  4680
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4621  tccaaatctgggaagggagactttctccaatcctcagagtctctcaacctatcaattgagatgta  4680
Qy    4681  TGAGACAGCCACAAGTCATGGGTTTAATTCTTTTCTTTCCATGCCATATGCGTCAAAGGGAA  4740
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4681  tgagacagccacaagtcatgggtttaatttctttcctcatgccatatggctcaaagggaa  4740
Qy    4741  GTGTCTATGGCCCTTGCTTTTTATTTAATTTAACCAATAATCTTTGTATATTTATTATACCTGTTAA  4800
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4741  gtgtctatggccctgctttgctttttatttaaccaataatctttgtatatttatacctgttaa  4800
Qy    4801  AAATTCAGAAATGTCAAGGCTGAGGCAGGAGCATCCGTCACCTGCTCACCCCTGTAATCCCAGCACTTTGGG  4860
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4801  aaattcagaaatgtcaaggccggtgaggcacgtgcctggctgtaatcccagcactttggg  4860
Qy    4861  AGGCCGAGGCGGGTGGTTCACAGTCAGGAGTTCAAGACCAGCCTGGCCAACATGGTGAA  4920
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4861  aggccgaggcgggtggtggtcacaggtcaggagatcgagaccatctggccaacatggtgaa  4920
Qy    4921  ACCCGTCTCTAAAAAATACAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGCGCACACCTGTAGTCCCCA  4980
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4921  accgtctctaaaaataaaaataaaaattagctgggcgtggtggcacgcacctgtagtcccca  4980
Qy    4981  GCTAATTCGAAGGCTGAGGCAGGAGACATCGGTGAACCTGGGAAGGCGGAAGTGCACTGA  5040
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4981  gctaattcgggaggctgaggcaggagaatcgcttgaacctgggaaggcggaagttgcactga  5040
Qy    5041  GCCAAGATCGCGGCCACTGCACTCCAGGCTGGGCGACAGAGTGAGACTCCATCTTAAAAAA  5100
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    5041  gccaagatcgcggccactgcactccagcctgggcgacagagtgagactccatcttaaaaaaa  5100
Qy    5101  AAAAAAAAAAAAAGAATTCAGACATCTCAGCTATCTATCAGAGATAATAGAATACCAGGACAAA  5160
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    5101  aaaaaaaaaaaaagaagagaattcagagatctcagctatctagatcatgaataccaggacaaa  5160
Qy    5161  ATATCAAGTGAGGCCACTTATCAGAGTAGAAGAATCCTTAGGTTAAAAGTTTCTTTCAT  5220
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

us-09-497-957-3.rng

Mon Jul 9 10:09:30 2001

```
Qy  6301  AATGGTTCTCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCAACAAACATCTTCAGAGCACCTACTAT  6360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6301  aatggttctcccagaatgaaagtctctaattcaacaaacatcttcagagcacctactat  6360

Qy  6361  TTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTAGTACAGGGGCTTTGAGGTTGAGAAGTCACTGTGGCTAT  6420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6361  tttgcaagagctgtttaaggtagtacaggggctttgaggttgagaagtcactgtggctat  6420

Qy  6421  TCTCAGAACCCAAATCGGTAGGGATGAAATTGATAGCAAGTAAATGTAGTTAAAGAAG  6480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6421  tctcagaacccaaatcggtagggatgaaattgatagcaagtaaatgtagttaaagaag  6480

Qy  6481  ACCCCATCAGGTCCTAAAGCAGGCAGGAAGCAAATCCTTAGGGTGTCAAAGGAAAGAATG  6540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6481  accccatcaggtcctaaagcaggcaggaagcaaatccttagggtgtcaaaggaaaagaatg  6540

Qy  6541  ATCACATTCAGCTGGGATCAAGATAGCCCTTCTGGATCTTGAAGGAGAAGCTGGATTCCA  6600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6541  atcacattcagctgggatcaagatagcccttctggatcttgaaggagaagctggattccca  6600

Qy  6601  TTAGGTGAGGTTGAAGATGATGGAGGTCTACACAGACGGAGCAACCATGCCAAGTAGGA  6660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6601  ttaggtgaggttgaagatgatgggaggtctacacagacggagcaaccatgccaagtagga  6660

Qy  6661  GAGTATAAGGCATACTGGGAGATTAGAAATAATTACTGTACCTTAACCCTGAGTTTGCGT  6720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6661  gagtataaggcatactgggagattagaataattactgtacctgagtttgcgt  6720

Qy  6721  AGCTACTCACCAATTATGCATTTCTACCCCCTGCAACATCTGTGGTGTAGGGAAAACG  6780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6721  agctactcaccaattatgcattctacccccctgaacatctggtgtaggggaaaga  6780

Qy  6781  GAATCAGAAAGAAGCCAGCTCATACAGAGTCCAAGGTCTTTGGGATATTGGGTTATGA  6840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6781  gaatcagaaagaagccagctcatacagagtcttttgggatattgggttatga  6840

Qy  6841  TCACTGGGGTGTCATTGAAGGATCCTTAGGAAAGGAGGACCACGATCTCCCTTATGGTG  6900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6841  tcactggggtgtcattgaaggatcctaggaaaggaggaccacgatctccctatggtg  6900

Qy  6901  AATGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGAGGTGAGGAGACCAGTTAGAAAGCCAATAAGCAT  6960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6901  aatgtgttgttaagaagttagatgataagggatgagggagaccagttagaaagccaataagca  6960

Qy  6961  TTCCAGATGAGAGATAATGGTTCTTGAAATCCAAGTAGTGCCCAGGTCTAAATTGAGATGG  7020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6961  ttccagatgagagataatggttcttgaaatccaaagtagtgcccaggtctaaattgagatgg  7020

Qy  7021  GTGAATGAGGAAAATAAGGAAGAGAGAGAGGAGGAGGGCCATTGGGGCTTGTGTCTTAGGT  7080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7021  gtgaatgaggaaaataaggaagaggagaggaggagggccatgggggcatggtgtgatgcct  7080

Qy  7081  CTTTCCTGGGTCTCTTGTCTCTGTCCACAGGAGCCATTGGGGCACTACGTCTTAGCTGAACG  7140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7081  ctttcctgggtctcttgtctctgtctccacaggagccattgggggcactacgtctagctgaacg  7140

Qy  7141  TGAGTGACACGGCCAGCTGCAGACTCACTGTGGGAAGGAAGGAGACAAAACTAGAGACTCAAAGA  7200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7141  tgagtgacacggccagctgcagactcactgtgggaaggaaggagacaaaactagagactcaaaga  7200

Qy  7201  GGGAGTGCATTTATGAGCTTCATGTTTCAGGAGGAGAGTTGAACCTAAACATAGAAATT  7260
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7201  gggagtgcatttatgagcttcatgtttcaggaggagagttgaacctaaacatagaaatt  7260

Qy  7261  GCCTGACGAACTCCTTGATTTAGCCTTCTCTGTTCATTTCTGTTCATTTCCTCAAAAAGATTTCCCCAT  7320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7261  gcctgacgaactccttgattagccttctctgttcattctgttcattcctcaaaaagatttcccccat  7320

Qy  7321  TTAGGTTCTGAGTTCCTGCATGCCGGTGATCCCTGTGACCTCTCCCTGGAACTG  7380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7321  ttaggtttctgagttcctgcatgccggtgatccctgtgacctctccctggaactg  7380
```

```
Qy  7381  TCTCTCATGAACCTCAAGCTGCATCTAGAGGCTTCCTTCATTTCCCGTTCATTTCCGTTCACCTTCAGAG  7440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7381  tctctcatgaacctcaagctgcatctagaggcttccttcattctccgttcaccttcacctcagag  7440

Qy  7441  ACATACACCTATGTCATTTCATTTCATTTCCTATTTTGGAAGAGGACTCCTTAAATTCGGGGA  7500
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7441  acatacacctatgtcatttcatttcattttggaagaggactccttaaatttggggga  7500

Qy  7501  CTTACATGATTCATTTAACATCTGAGAAAAGCTTTGAACCCTGGGACGTGGCTAGTCAT  7560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7501  cttacatgattcatttaacatctgagaaaagctttgaaccctgggacgtggctagtcat  7560

Qy  7561  AACCTTACCAGATTTTACACATGTCTATCTCATTTTCTGACCCGTTCCAACTTTTCCT  7620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7561  aacttaccagatttttacacatgtatctatctcattttctgacccgttccaactttttcct  7620

Qy  7621  TTGAATTCCTCTCTCTGTGTTACCCAGTAACTCATCTGTCACCAAGCCTTGGGGATTCTTC  7680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7621  ttgaattcctctctcctgtgttacccagtaactctgtcaccaagcctgggggattcttc  7680

Qy  7681  CATCTGATTGTGATGTGAGTTGCACAGCTATGCATGAAGGCTGACACTGCACCAATGAAGAG  7740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7681  catctgattgtgatgtgagttgcacagctatgcatgaaggctgacactgcacgaatggaagag  7740

Qy  7741  GCAACTGTCCAGAAAAGCATCATGGCTATCCTGGGTAGTGATGAGGGTGTTTTAGC  7800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7741  gcaacctgtcccagaaaagcatcatggctatctgtggtagtgatggggttttagc  7800

Qy  7801  AGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAGGGTTGTGAAGAGGTGTTTTTTTCTAATTGGCATGA  7860
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7801  aggtaggaggcaaatatcttgaaaggggttgtgaagaggtgttttttctaattggcatga  7860

Qy  7861  AGGTGTCATACAGATTTGCAAAGTTTAATGGTGCCTTCATTTGGGATGCTACTCTAGTAT  7920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7861  aggtgtcatacagattgcaaagtttaatggtgcctcatttgggatgtgctactactgtat  7920

Qy  7921  TCCAGACCTGAAGAATCACAATAATTTTCTACCTGGTCTCTCCTTGTTCTGATAATGAAA  7980
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7921  tccagacctgaagaatcacaataatttctcacctggtctctccttgtctgataatgaaa  7980

Qy  7981  ATTATGATAAGGATGATGATAAAAAGCACTTACTTCGTTCGTCCGACTTCTGAGCACCTACTTA  8040
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7981  attatgataaggatgatgataaaaagcacttacttcgttcgtccgacttctgagcacctactta  8040

Qy  8041  CATGCATTACTGCATGCACACTTCTTACACATAATTCTATGAGTACTATTATCCCCAT  8100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8041  catgcattactgcatgcacacttctacttacacataattctatgatagtactattatcccat  8100

Qy  8101  TTCTTTTTTAAATGAAGAAGTTGAAGACATGGAAGCCGGTGGCTCACGCCTGTAATCCC  8160
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8101  ttcttttttaaatgaaaggatgaaagtgaagacatggaagccggtggctcacgcctgtaatccc  8160

Qy  8161  AGCACTTGGGAGGCCAAAGCGGGTGGATCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCCTGGC  8220
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8161  agcacttgggaggccgaaagcgggtggatcacgaggtcaggagatcaggagagtgagg  8220

Qy  8221  TAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATAAAAATTAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGCAG  8280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8221  taacatggtgaaaccccatctctaataaaaatacaaaaattagctggtcgtggtggcag  8280

Qy  8281  ACGCCTGTAGTCAGCTACTCCGGAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCGTGAACCCAGGAGG  8340
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8281  acgcctgtagtcccagctactcggaaggctgaggcaggagaatggcatggaacccaggagg  8340

Qy  8341  CAGAGGCTTGCAGTGAGCCGAGATCTGCGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGACAGAGTGAGA  8400
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8341  cagagcttgcagtgagccgagatctgcgccactgcactccagcctgggtgacagagtgaga  8400

Qy  8401  CTCCATCTCAAAAAATAAAAATAAAAATAAAAAATAAAAAAAAAAAAGAAAAAAAGTGAAGTA  8460
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8401  ctccatctcaaaaaataaaaataaaaataaaaaagaaaaaaagtgaagta  8460

Qy  8461  TAGAGTATCTCATAGTTTGTCAGTGATAGAAACAGGTTTCAAACTCAGTCAATCTCGACCG  8520
```

us-09-497-957-3.rng

Mon Jul 9 10:09:30 2001

```
Db  8461 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||  8520
         tagagtatccatagttgtcagtgatagaaacaggtttcaaactcagtcaatctgaccg

Qy  8521 TTGATACATCTCAGACACCACTACATTCAGTAGTTTAGATGCCTAGAATAAATAGAGAA  8580
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8521 tttgatacatctcagacaccactacattcagtagtttagatgcctagaataaatagagaa  8580

Qy  8581 GGAAGGAGATGGCTCTTCTGTCTCATTGTGTTCTTCTCGAGTGAGCTTGAATCACAT  8640
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8581 ggaaggagatggctcttctgtctcattgtgttcttctcgagtgagcttgaatcacat  8640

Qy  8641 GAAGGGAACAGCAGAAAACAACCAACTGATCCCTTCAGCTGTCATGTTCCTTTAAAAGTC  8700
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8641 gaaggggaacagcagaaaacaaccaactgatcccttcagctgtcatgttcctttaaaagtc  8700

Qy  8701 CCTGAAGGAGGTCCTGGAATGCTGACTCCCTTGCTCCTCGTTTGCTCTTTGGCATTCA  8760
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8701 cctgaaggaggtcctggaatgtgactcccttgctcctcgttgctctcttggcattca  8760

Qy  8761 TTTCTTTGGACCCTACGCAAGGACTGTAATTGGTTGGGGACCAGCTAGTGCCCTGCTGGGC  8820
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8761 tttctttggaccctacgcaaggactgtaatggttggggacagctagtgccctgctgggc  8820

Qy  8821 TTCCACACGGTGTCCTCCCCTAGGCCAGTGCCTCTGGAGTCAGAACTCTGTGGTATTTC  8880
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8821 ttcacacggtgtcctccccctagggccagtgcctctggagtcagaactctgtggtattc  8880

Qy  8881 CCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCTCATTTGAGATGGTATAATGGAAGCCACCAAGTG  8940
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8881 cctcaatgaagtggagtaagctctctcatttgagatgtataatggaagccaccaagtg  8940

Qy  8941 GCTTAGGAGATGCCCAGGTCCTTCCCATGGAGCCACTGGGGTTCCGTGCACATTAAAAA  9000
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8941 gcttagagagatgcccaggtccttcccatggagccactgggttccggtgcacattaaaaaa  9000

Qy  9001 AAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCTAGATCTGGGAAATCAGTTCACCATGTTCA  9060
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9001 aaaatctaaccaggacattcaggaattgctagatctgggaaatcagttcaccatgttca  9060

Qy  9061 AAAGAGTCTTTTTTTTTTTGAGACTCTATTGCCCAGGCTGGTCTCAGATGGCATGAT  9120
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9061 aaagagtcttttttttttttgagactctattgcccaggctggtctccagtgcaatggcatgat  9120

Qy  9121 CTCGGCTCACTGCTAACCTCCGCCTCCCAGGTTCAAGCGATTCTCCTGTCTCAGCCTCCCA  9180
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9121 ctcggctcactgtaacctccgcctcccaggttcaagcgattctcctgtctcagcctccca  9180

Qy  9181 AGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCATGCCCGGCTAATTTTTGTATTTTTAGTAGA  9240
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9181 agtagctgggattacaggcgtgcaccaccatgcccggctaatttttgtatttttagtaga  9240

Qy  9241 GACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCCTCCTGACCTCGTGATCCGCC  9300
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9241 gacaggttttcaccatgttggccaggctggtctcgaactcctgacctcgtgatccgcc  9300

Qy  9301 TGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGTGTGAGCCACCGCCCAGCCGTCAAA  9360
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9301 tgcctcggcctcccaaagtgctgagattacaggtgtgagccaccgcccagccgtcaaa  9360

Qy  9361 AGAGTCTTAATATATATATATATCCAGATGGCATGTGTTTACTTTATGTTACTACATGCACTTG  9420
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9361 agagtcttaatatatatatatatccagatggcatgtgttgcttctatgttactacatgcacttg  9420

Qy  9421 GCTGCATAAAATGGTACAAGCATTCTGTCTTTAGGCATTAAATTTAGCAAAGATATCTCATCTCTTCTT  9480
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9421 gctgcataaatgtacaagcattctgtctttaggcattaaatttagcaaagatatctcatctcttctt  9480

Qy  9481 ACAGCTCAGAAGTTTCTTCTTTAGGCATTAAATTTAGCATTAAATTTAGCAAAAAGTATGTGATT  9540
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9481 acagctcagaagttctttcttctttaggcattaaatttagcaaagatatctcatctctt  9540

Qy  9541 TTAAACCATTTTGTTGGTTAGAAAGTTATCTGGTTAGAAAAAGTAAATGTGATT  9600
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db  9541                                                          9600
         ttaaaccatttcttcttttgtggttagaaagttatgtgagaaaaagtaaatgtgattt

Qy  9601 ACGCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAAATGAATACAATTAAAGCTGTTATTTAATTAGCCAG  9660
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||
Db  9601 acgctcattgtagaaaagctataaaatgaataccaattaaagctgttatttattagccag  9660

Qy  9661 TGAAAACTATTAACAACTGTCTATTACCTGTTAGTATTATTGTTGCATTAAAATGCA  9720
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9661 tgaaaaactattaacaactgtctattacctgttagtattattgtgtgcattaaaaatgca  9720

Qy  9721 TATACTTAATAAATGTATATTGTATTTATTGTATACTGCATGATTTTATTGAAGTTCTTGTTC  9780
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9721 tatacttaataaatgtatattgtatttattgtatactgcatgatttattgaagttcttgttc  9780

Qy  9781 ATCTTGTGTATATACTTAATCGCTTGTCATTTGGAGACATTATTTTGCTTCCTAATTT  9840
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9781 atcttgtgtatatacttaatcgcttgtcatttggagacatttatttgcttctctaattt  9840

Qy  9841 CTTTACATTTGTCTTACGGAATATTTCATTCAACTGTGGTAGCCGAATTAATCGTGTT  9900
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9841 ctttacatttgtcttacggaatatttcattcaactgtggtagccgaattaatcgtgtt  9900

Qy  9901 TCTTCACTCTAGGGACATTGCGTCTAAGTGTGTAAGACATTGGTTATTTACCAGCAAAC  9960
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9901 tcttcactctagggacattgcgtctaagtgtctaagttgtaagacattggtatttaccagcaaac  9960

Qy  9961 CATTCTGAAAGCATATGCACAAATTATTTCTCTCTTAAATACTGGTAGCCAAGCAGA 10020
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9961 cattctgaaagcatatgcacaaattatttctctcttaatatctataatctactgaaagcaga 10020

Qy 10021 CTGCTATAAGGCTTCACTTACTCTCATAAGGAATATGTTACAATTAATTTATT 10080
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 10021 ctgctataaggcttcacttactctctcatcataaggaatatgtacaattaatttatt 10080

Qy 10081 AGGTAAGCATTTGTTTATTTATATTGGTTATTCACCTGGGAAAATCAGTTCAAGAAAACACC 10140
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 10081 aggtaagcatttgtttatttgtttatttattcacctgggctcgagatttcaagaaaacacc 10140

Qy 10141 CCAGTCTTCACAGTAACACATTCACTAACATTACTACAACATTCAAAACATCAGCAACTGGCCT 10200
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 10141 ccagtcttcacagtaacaacagtcacattactaacatcagcagcaactgtggcct 10200

Qy 10201 GTTAATTTTTAATAGAAATTTAAGTCCTCATTTCATTTCGGTGTGTTTTTAAGCTTAA 10260
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 10201 gttaatttttaatagaaatttaagtcctcatttcatttcggtgtttttaagcttaa 10260

Qy 10261 TTTTCTGGCTTTATTCATAAATTCTAAGGTCAACTACATTTGAAAAATCAAAGACCTG 10320
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 10261 tttttctggcttattcataaattcataaattcctaaggtcaactacatttgaaaaatcaaagacctg 10320

Qy 10321 CATTTTAAATTCTTATTCACCTCTGGCAAAACCATTCACAAACCATGGTAGTAAAGAGAA 10380
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 10321 catttttaaattcttattcaccctctggcaaaacctgcaaaccatccacaaaccatggtagtaaaggagaa 10380

Qy 10381 GGGTGACACCTGGTGCCATAGGTAAATGTACCACGGTGTCCGGTGACCAGGATGCTCAAA 10440
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 10381 gggtgacacctggtggccatagtaaatgtaccacggtgtccggtgaccagagatgcag 10440

Qy 10441 CGCTGAGGGTTTCCTGAGGTAAAGGTAAAGGAATAAAGAATTTGAGAAAATTGAGAGAGA 10500
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 10441 cgctgagggtttcctgaggtaaaggtaaaggaataaaggaatttgagaaatttgagaaa 10500

Qy 10501 ATCACTTGTAGAGAAAAGCCCCTGAAAATTTGAGAAAAGCAAGAAACAAGAAACTACTTACCAG 10560
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 10501 atcacttgtagagaaaagccctgaaaatttgagaaacgaaacaagaaactacttaccag 10560

Qy 10561 CTATTTGAATTGCTAGAAAGATATTCCATCTCTTCTT 10620
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||
Db 10561 ctatttgaattgctgaatcacaggccattgctgagctgcctgagctgagctgaggaacacaacag 10620

Qy 10621 AAGGAAAACAAACCACTCTGATAATCATTGAGTCAGTCTGAATTGAGGACTGC 10680
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 10621 aaggaaaacaaaccactcagaaccactcgataatcattgagtcaagtacagcaggtcggaggactgc 10680
```

```
Qy     61 aatatctaagttcagatcagaacattgcgaagctacttcccaatcaacaacaccct 120
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     61 ......................................................... 120

Qy    121 TCAGGATTTAAAAACCAAGGGGACACTGGATCACCCAGTGTTCACAAGCAGGTACCTT 180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    121 tcaggatttaaaaaccaaggggacactggatcacccagtgttcacaagcaggtacctt 180

Qy    181 CTGCTGTAGGAGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTTGCTTTCACCAGGAAGTT 240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    181 ctgctgtaggagagagaactaaagttctgaaagacctgttgctttcaccaggaagtt 240

Qy    241 TTACTGGGCATCTCCTGAGCGTAGGCAATAGCTGTAGGTGACTTCTGGAGCCATCCCG 300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    241 ttactgggcatctcctgagcgtaggcaatagctgtaggtgacttctggagccatcccg 300

Qy    301 TTTCCCGCCCCCCAAAAGAAGCCGAGATTTAACGGGACGTGCGGCCAGAGCTGGGAA 360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    301 tttcccgccccccaaaagaagccgagatttaacgggacgtgcggccagagctgggaa 360

Qy    361 ATGGGCCCGCAGGCCAGGCCGGCGCTTCTCCTGATGCTTTGCAGACCGCGGTCCTG 420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    361 atgggcccgcaggccaggccggcgcttctcctgatgctttgcagaccgcggtcctg 420

Qy    421 CAGGGGCGCTTGCTGCGTGAGTCCGAGGGCTGCGGGGCGAACTAGGGGCGCGGGCGGGGTG 480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    421 cagggcgcttgctgcgtgagtccgaggctgcgggcgaactaggggcgcggcggggtg 480

Qy    481 GAAAAATCGAAACTAGACTTTTCTTTGCGCTTCCTTCCTCCCTACTTTCTGCGTCCA 540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    481 gaaaatcgaaactagctttttcttgcgcttgcttcttggaggacctgc 540

Qy    541 TCAACCCTATCCGCAAGCCCCTCTCCTACTTTCTGCGTCCAGACCCCGTGAGGGAGTGC 600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    541 tcaaccctatccgcaagcccctctccctactttctgcgtccagacccgtgaggggagtgc 600

Qy    601 CTACCACTGAACTGCAGATAGGGTCCCCGCCCCAGGACCCTGCCCCCTCCCCGGCTGT 660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    601 ctaccactgaactgcagatagggtcccctgcccctgcccccggctgt 660

Qy    661 CCCGGCTCTGCGGAGTGACTTTTGGAACCGCCCACTCCCTTCCCCCAACTAGAATGCTTT 720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    661 cccggctctgcgggtgactttggaaccgcccactccctcccccaactagaatgcttt 720

Qy    721 TAAATAAATCTGTAGTTCCTCACTTGAGCTGAGCTAAGCCTGGGGCTTCCTGAACCTGG 780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    721 taaataaatctgtagttcctcacttgagctgagctaagcctggggctcctgaacctgg 780

Qy    781 AACTCCGGGTTATTTCCAAATGCAGCGTGCAGTTTTTCCCAGTGCATCTCCAAACAGG 840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    781 aactcggggttttttatttccaatgcagcgtgcagtttttcccagtgcatctccaaacagg 840

Qy    841 AAGTTCTTCCCTGAGTGCTTGCCCGAGAAGGCTGGAGCAAGCTGAGCAATCCGCACGG 900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    841 aagttcttccctgagtgcttgcccgagaaggctgagcaaaccacagcaggatccgcacgg 900

Qy    901 GGTTTCCACCTCAGAACGAATGCCTTGGGCGCTGGGGCGCGAAAGAGTGGCGTTGGGGA 960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    901 ggttccacctcagaacgaatgccttgggcgctggggcggcgaaagagagtgcgttggggga 960

Qy    961 TCTGAATTCTTCCACCATTCCACCCCACTTTGGTGAGACCTGGGGTGGAGGTCTCAGGGT 1020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    961 tctgaattcttcaccattccaccccacttttggtgagacctgggggtggaggtctctagggt 1020

Qy   1021 GGGAGGCGTCTGAGAGAGGCCTACCCTCGGGCCCTTTCCCCAGCTTCTGGCAATTGTTCTTTT 1080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1021 gggaggcgtcctgagagaggcctaccctcgggccctttccccaccttctggcaattgtctttt 1080

Qy   1081 GCCTGGAAAATTAAGTATATGTTAGTTTTGAACGTTGAACATTCTCTTTTCGG 1140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1081 gcctggaaaattaagtatatgttagttttgaacgtttgaacattctctttttcgg 1140

Qy   1141 CTAGGCTTTATTGATTTGCAATGTGCTGTGTAATTAAGAGAGGCCTCTACAAAGTACTGA 1200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1141 ctaggcttttattgattttgcaatgtgctgtgtaattaagaggcctctctacaaagtactga 1200
```

```
Qy  10681 TGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTTATGTTGTATTATAAATAATGTCATCTTTATAATACTGT 10740
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10681 tgagaggtacaggccaaaattctttatgttgtattataaataatgtcatcttttataataactgt 10740

Qy  10741 CAGTATTTTATAAAACAATTCTTCACAAACTCACACACATTAAAAAACAAAACACTGTCTC 10800
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10741 cagtatttttataaaacaattcttcacaaactcacacacattaaaaaacaaaacactgtctc 10800

Qy  10801 TAAAATCCCAAATTTTTCATAAAC 10825
          ||||||||||||||||||||||||
Db  10801 taaaatcccaaatttttcataaac 10825
```

RESULT   2

```
AAC68425
ID   AAC68425 standard; DNA; 10825 BP.
XX
AC   AAC68425;
XX
DT   21-FEB-2001 (first entry)
XX
DE   Human hereditary hemochromatosis DNA.
XX
KW   HH; hereditary hemochromatosis; chelation agent;
KW   T-cell differentiation factor; iron overload; ds.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
PN   US6140305-A.
XX
PD   31-OCT-2000.
XX
PF   04-APR-1997; 97US-0834497.
XX
PR   04-APR-1996; 96US-0630912.
PR   16-APR-1996; 96US-0632673.
PR   23-MAY-1996; 96US-0652265.
XX
PA   (BIRA ) BIO-RAD LAB INC.
XX
PI   Thomas WJ, Drayna DT, Gnirke A, Ruddy D, Tsuchihashi Z, Wolff RK;
PI   Feder JN;
XX
DR   WPI; 2001-006341/01.
DR   P-PSDB; AAB36669.
XX
PT   New hereditary hemochromatosis gene products or polypeptides, useful
PT   for treating hereditary hemochromatosis in a patient, and as a metal
PT   chelation agent alleviating iron overload -
XX
PS   Disclosure; Fig 3; 108pp; English.
XX
CC   The present invention relates to hereditary hemochromatosis gene
CC   products. These proteins may be used to treat a patient diagnosed as
CC   having human hemochromatosis disease. It is also useful as a metal
CC   chelation agent or as a T-cell differentiation factor, and for
CC   alleviating iron overload. They may also be used in protein replacement
CC   therapy for individuals having a defective human hemochromatosis gene.
XX
SQ   Sequence 10825 BP; 2998 A; 2253 C; 2648 G; 2926 T; 0 other;
```

```
Query Match             100.0%;  Score 10823.4;  DB 22;  Length 10825;
Best Local Similarity   100.0%;
Matches 10824;  Conservative 0;  Mismatches 1;  Indels 0;  Gaps 0;

Qy      1 TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTTAAATGTATGATTGAATTTGAAAATCATAAATATTTA 60
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1 tctaaggttgagataaaattttttaaatgtatgattgaatttgaaaatcataaatatttta 60

Qy     61 AATATCTAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTTCCCCAATCAACAACACCCCT 120
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     61 ......................................................... 120
```

us-09-497-957-3.rng

```
Qy 2281 GCCACAAACAAGGTTGTGCAGGCGCCTCTAGGCTGCTGCGTGTCTGAATTCTAGCCAAGGAGTA 2340
         ||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 2281 gccacaaacaaggttgtgcaggcggcctctaggctgctgcgtgtctgaattctagccaaggagta 2340

Qy 2341 ACAGTGATCTGTCACAGCTTTAAAAGATTGCTCGGCTGCTATGTGGAAAGCAGAATG 2400
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 2341 acagtgatctgtcacagcttttaaaagatctgctatgtggaaagcagaatg 2400

Qy 2401 AAGGGACAACAGTAAAAGCAGGGAGCCCAGCAGAGCTGTCACAGTGCCAGGCAAG 2460
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 2401 aagggagcaacagtaaaagcagggggagcccagccagcagtcgttacacagtccaggcaag 2460

Qy 2461 AGGTAGTGGAGTGGGCTGGGTGGGAACAGAAAAGGGAGTGACAACACCATTGTCTCCTGAA 2520
         |||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||
Db 2461 aggtagtggagtgggctgggtgggtgggaacagaaaaggggagtgacaaaccatgtctcctgaa 2520

Qy 2521 TATATTCTGAAGGAGTTGCTGAGGATTCTATGTTGTGTGAGAAAGAAGAAGAATTGG 2580
         ||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||
Db 2521 tatattctgaaggaggtgctgaagattctatgttgtgtgagagagaagaagaattgg 2580

Qy 2581 CTGGGTGTAGTAGCTCATGCCAAGGAGGGCCAAGAGAGCCAGATTCCTGAGCTCAGGA 2640
         |||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||
Db 2581 ctgggtgtagtagctcatgccatgccaaggaggaggagccaaggagctcagga 2640

Qy 2641 GTTCAAGACCAGCCTGGGCAACAGCAAAACCCCTTCTCTACAAAAAATACAAAAATTA 2700
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 2641 gttcaagacccagcctgggcaacagcaaaaccccttctctacaaaaaatacaaaaatta 2700

Qy 2701 GCTGGGTGTGGTGGCATGCACCTGTGATCCCAGCTACTCGGGAGGCTGAGGTGGGGGTA 2760
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 2701 gctgggtgtgtggtggcatgcacctgtgatcccagctactcgggaggctgaggtgagggta 2760

Qy 2761 TTGCTTGAGCCCAGGAGGTTGAGGTCAGTGAGTCGAGTCCATTGAGCCATGACTGCATTTGCAGC 2820
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 2761 ttgcttgagcccaggaggttgaggctgagccatgagccatgagctgccactgcacttcagc 2820

Qy 2821 CTAGGTGCACAGAGCAAGACCCCTGTCTCCCCCCTGACCCCTGAAAAAGAGAAGAGTTAAAGT 2880
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 2821 ctaggtgacagagcaagcaagaccctgtctcccccctgacccccctgaaaagagaagagttaaagt 2880

Qy 2881 TGACTTTGTTCTTTTATTTTAATTTTATTGGCCTGAGCAGTGGGTAATTGCAATGCCAT 2940
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 2881 tgactttgttctcttttattttaattttattggcctgagcagtgggtaattgcaatgccat 2940

Qy 2941 TTCTGAGATGGTGAAGGCAGAGGAAAGAGCAGTTTGGGGTAAATCAAGGATCTGCATTTG 3000
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 2941 tctgagatggtgaaggcagaggaaagagcagtttggggtaaatcaaggatctgcatttg 3000

Qy 3001 GGACACATGTTAAGTTGAGATTTGAGATCATCAGGCTTCAGCCTTCCAAGTCGTGAGGCCCACATAGGCAGTT 3060
         ||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||
Db 3001 ggacatgttaagttgagatttgagatcattgaggctcaagtgttgagaccaggcagtt 3060

Qy 3061 CAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGTGGCACGGGTGGGGGGG 3120
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 3061 cagtgtaagaattcaggaccaaggctgtggcacgggtggggggg 3120

Qy 3121 TTGGTGGCTGAGGCAGTGAGATCATTTGAGGTCAGCAAGCTTGGCCAACA 3180
         |||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||
Db 3121 ttggtggctgaggcagtagatcattgaggctcaggcatcttgaggcttggccaaca 3180

Qy 3181 TGGTGAAACCCCATGTCTACTAAAAATACAAAAATTAGCCGGGCGCCT 3240
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 3181 tggtgaaacccatgtctactaaaaatacaaaaatagccgggggccct 3240

Qy 3241 ATAGTCCCAGGTTTCAGGAGGAATCCCTTGAACCCAGGAGGTGCAGG 3300
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 3241 atagtcccaggtttcaggaggaatcccttgaacccaggaggtgcagg 3300

Qy 3301 TTGCCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCACTGCACTGTCAGTGATAGAGTGAGACTCTGT 3360
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 3301 ttgccagtgagctgagattgtgccactgcactccactgcactgtcagtgatagagtgagactctgt 3360

Qy 3361 CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTTCAGGATTTGGG 3420
```

```
Qy 1201 TAATGAACATGTAAGCAATGCACTCACTTCTAAGTTACATTCATATCTGATCTTATTTGA 1260
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 1201 taatgaacatgtaagcaatgcactcacttctaagttacattcatatctgatcttatttga 1260

Qy 1261 TTTTCACTAGGCATAGGGAGGTAGGAGCTAATAATACGTTTATTTTACTAGAAGTTAACT 1320
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 1261 tttcactaggcataggggaggtaggagctaataatacgtttattttactagaagttaact 1320

Qy 1321 GGAATTCAGTTATATAACTCTTTCAGGTTACAAAGAACATAAATAATCTGGTTTTCTG 1380
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 1321 ggaattcagttatataactctttcaggttacaaagaacataaataatctggttttctg 1380

Qy 1381 ATGTTATTTCAAGTACTACAGCTGCTTCTAATCTTAGTTGACAGTTTGCCCTGTAG 1440
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 1381 atgttatttcaagtactacagctgcttctaatcttagttgacagtttgccctgtga 1440

Qy 1441 TGTAGCCACAGTGTTCTGTGGCTCACACGCGGCCTCAGCACAGCACTTTGAGTTTTGGTA 1500
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 1441 tgtagcacagtgttctgtgggtcacacgcgcctcagcacagcactttgagttttggta 1500

Qy 1501 CTACGTGTATCCACATTTTACACATGACAAGAATGAGGCATGGCACGCGCCTGCTTCCTGG 1560
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 1501 ctacgtgtatccacatttttacacatgacaagaatgaggcatggcacgcgcctgcttcctgg 1560

Qy 1561 CAAATTTATTCAAATGGTACACTGGGCTTTGGTGGTGGCAGAGCTCATGTCTCCACTTCATAGC 1620
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 1561 caaattattcaaatggtacactgggctttggtggtggcagagctcatgtctccacttcatagc 1620

Qy 1621 TATGATTCTTAAACATCACACTCGATTAGAGTTGAATAATAAAAATTTCATGTTGAGCAG 1680
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 1621 tatgattcttaaacatcacactcgattagagttgaataataaaaatttcatgttgagcag 1680

Qy 1681 AAATATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGTCCCAGCCATGTGTTGTGACTGTTCAAGCCC 1740
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 1681 aaatattcattgtttacaagtgtaaatgagtccccatgtgttgtgactgttcaagccc 1740

Qy 1741 CAAGGGAGAGAGCAGGGAAACAAGTCTTTACCCTTTGATTATTTGCATTCTAGTGGGGAGA 1800
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 1741 caagggagagagcagggaaacaagtctttaccctttgattattttgcattctagtgggaga 1800

Qy 1801 GATGACAATAAGCAAATGAGCAGAAAGATATACACATCAGGAAATCATGGGTTGTTGTGA 1860
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 1801 gatgacaataagcaaatgagcagaaagatatacacatcaggaaatcatgggtttgtgtga 1860

Qy 1861 GAAGCAGAGAAGTCAGGGCAAGTCAACTCTGACACTTGACAGCAGAGACATGAAGGA 1920
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 1861 gaagcagagaagtcagggcaagtcaactctgacacttgacagcagagacatgaagga 1920

Qy 1921 AATAAGAATGATATTGACTGGGAGCCAGTATTTCCCAGGCAAAACTGGGCCTGGCAAG 1980
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 1921 aataagaataagatattgactgggagccagtatttcccaggccaaactgggcctggcaag 1980

Qy 1981 TTGGATTAAAAAGCGGGTTTTCTCAGCACTCTGACACGTGTGTGTGTGTGGGGGGGGG 2040
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 1981 ttggattaaaaagcgggttttcctcagcactctgacactgtcatgtgtgtggggggggg 2040

Qy 2041 CGGCGTGGGGGTGGGGAAGGGGAACTTGCATGCTAGAGTGTCTAGCAGTATCCTGT 2100
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 2041 cggcgtgggggtggggaaggggggactaacactaccatcgcatgctagagtgctagcagtatcctgt 2100

Qy 2101 CCTCCCTACTCACTAGGTGCTAGCAGCTAGTGTCTAGACAAAACTGTCAAAAAATGTCTCT 2160
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 2101 cctccctactcactaggtgctagcagctagtgtctagacaaacctggtcaaccaaaatgtctct 2160

Qy 2161 AAACTTTGCCACATTTCACCTAGTCTAGACAAAACTCGGTTCGGGTTGAAAAA 2220
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 2161 aaactttgccacatttcacctagtctagacaaacctcggttcggggttgaaaaa 2220

Qy 2221 AATAAACAAGTAGTGCTTGGGGATGAGAGGCTAGAGCCAAGAAGTAATGGGCTCAGAAGAGGA 2280
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 2221 aataaacaagtagtgcttggggatgagagggctcagaagtggctcactcactccagagagga 2280
```

Mon Jul 9 10:09:30 2001

Db |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     3361 ctccaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaactgaaggaattattcctcaggatttggg   3420

Qy   3421 TCTAATTTGCCCTGAGCCACCAACTCCTGAGTTCAACTACCATGGCTAGACACACCTTAAC   3480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3421 tctaatttgccctgagccaccaactcctgagttcaactaccatggctagacacaccttaac   3480

Qy   3481 ATTTTCTAGAATCCACCAGCTTAGTGAGTCTGTCTAATCATGAGTATTGGAATAGGAT   3540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3481 atttctagaatccaccagcttagtgagtctgtctaatcatgagtattggaataggat   3540

Qy   3541 CTGGGGCAGTGAGGGGTGGCAGCCACGTGGCAGAGAAAGCACACAAGGAAAGAGC   3600
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3541 ctggggcagtgagggggtggcagccacgtggcagagaaagcacacaaggaaagagc   3600

Qy   3601 ACCCAGACTGTCATATGGAAGAACAGGACTGCAACTCACCCTTCACAAAATGAGGA   3660
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3601 acccaggactgtcatatggaagaaacaggactgcaactcacccctcacaaaatgagga   3660

Qy   3661 CCAGACACAGCTGATGTGATCGAGTTGATGCAGAGGTGTGGAGCCTCAACATCCTGCTCCC   3720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3661 ccagacacagctgatgtgatcgagttgatgcaggtgtgtggagcctcaacatcctgctccc   3720

Qy   3721 CTCCTACTACACATGGTTAAGGCCCTGCTCTGTCCTCCAGTTCACACTCTCTGCACTA   3780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3721 ctcctactacacatggttaaggccctgctctgtcctccagttcacactctctgcacta   3780

Qy   3781 CCTCTTCATGGGTGCCTCAGACAGCAGGACCTTGGTCTTTTCCTTGTTTGAAGCTTTGGGCTA   3840
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3781 cctcttcatgggtgcctcagacagcaggaccttggtctttcctgtttgaagctttgggcta   3840

Qy   3841 CGTGGATGACCAGCTGTTCGTGTTCTATGATCATGAGAGTCGCCGTGTGAGCGTGTGGAGCCCGAAC   3900
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3841 cgtggatgaccagctgttcgtgttctatgatcatgagagtcgccgtgtgagcgtgtggagcccgaac   3900

Qy   3901 TCCATGGGTTTCCAGTAGAATTTCAAGCCAGATGTGGCTCAGCTGAGTCGAGTCTGAA   3960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3901 tccatgggtttccagtagaatttcaagccagatgtggctcagctggctcagcagtctgaa   3960

Qy   3961 AGGGTGGGATCACATGTTCACTGTTGACTTCTGGACTATTATGGAAAATCACACCACAG   4020
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3961 agggtgggatcacatgttcactgttgacttctggactattatggaaatcacaacaccacag   4020

Qy   4021 CAAGGGTATGTGGAGAGGGGGCCCTTCCTCGAGGTTGTCAGAGCTTTTCATCTTTTC   4080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4021 caagggtatgtggagaggggggccctcacccttcctgaggtgtcagagctttcatcttttc   4080

Qy   4081 ATGCATCTTGAAGGAAACAGCTGAAGCTGAAGGTCTTGTGTGGAGGAGCAGGGAGACGGGAAG   4140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4081 atgcatcttgaaggaaacagctgaagctgaagtcttgtgtgggagcagggagagggaag   4140

Qy   4141 GAATTGCTTCCTCTGAGATCATTGGTCCTGGGATGGTTGGGAAAATAGGGACCTATTCCTT   4200
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4141 gaattgcttcctgagatcattgtcctgtttggggatgtggggatggttgggaaataggggaccattcctt   4200

Qy   4201 TGGTTGCAAGTTAACAAGGCTGGGGGATTTTTCCAGAGTTGTCAGAGCTACCCCTGCAGGTCATCCTG   4260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4201 tggttgcaagttaacaaggctggggggattttccagagttgtccagagtccacacccctgcaggtcatcctg   4260

Qy   4261 TGGCCCACCAAGCTGAGTGGGAAAGCTGGAAAGTGGAAGTGGAAAGGGCCTAC   4320
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4261 tggcccaccaagctgggagttgggaaatgcaggtgggaagtgggaaataggggtatgggtatggg   4320

Qy   4321 CAGGAGACCACCTTGATATCTGCCCTGAATTCTGCCCTGACCACTGGCGCAGCAGACCCAGGGCC   4380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4321 caggagaccaccttgaattctgccctgacactgttagagtccaatcttagg   4380

Qy   4381 TGGCCCACCAAGCTGAGTGGGAAAGGACCACAAGAATTCGGGCCGCCAGGCGACAGGGCCTAC   4440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4381 tggcccaccaagctggagtggggagtggaaaggcacaagattcgggccagcagaagacacaggcgcctac   4440

Qy   4441 CTGGAGAGGGACTGCCCCTGCACAGCTGCTCGCGAGCTGGGCGGAGCGAGGTGTTTG   4500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4441 ctggagaggggactgcccctgcacagctgcgagagtcgggcgagctgggcgggagaggtgtttg   4500

Qy   4501 GACCAACAAGGTATGGTGGAAACACACTTCTGCCCCTATACTCTAGTGGCAGAGTGGAGG   4560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4501 gaccaacaaggtatggtggaaacacacttctgcccctatactcagtggcagagtggagg   4560

Qy   4561 AGGTTGCAGGGCACGGAATCCCTGGTTGGGAGTTCAGAGGTGGCTGAGGCTGTGTGCCTC   4620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4561 aggttgcagggcacggaatccctgttgggagtttcagagggtgaggctggcgtgtgcctc   4620

Qy   4621 TCCAAATTCTTGGGAAGGACTTTCTCAATCCTAGAGTCTCTACCTTATAATTGAGATGTA   4680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4621 tccaaattctgggaaggggacttctccaatcctagagtctcaccctataattgagatgta   4680

Qy   4681 TGAGCAGCCACAAGTCATGGGTTTAATTTCTTTTCTTTCCTCCATGCATATGGCTCAAAGGGAA   4740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4681 tgagcagccacaagtcatgggtttaatttcctctttctttcctccatgcatggctcaaagggaa   4740

Qy   4741 GTGTCTTATGCGCCCTTGCTTTTTATTTAACCAATAATCTTTTGTATATTTATATACCTGTTAA   4800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4741 gtgtctatggcgcccttgctttttattttattttaaccaataatcttttgtatatttatatacctgttaa   4800

Qy   4801 AAATTCAGAAATGTCAAGGCCGGGACACGGTGGCTCACCCCTGTAATCCCAGCACTTTGGG   4860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4801 aaattcagaaatgtcaaggccgggcacggtggctcaccctgtaatcccagcactttggg   4860

Qy   4861 AGGCCCGAGGCGCGGTGGCTCACAGGTCAGAGGTTTGAGACCAGCCTGACCAACATGGTGAA   4920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4861 aggccgagggcgcggtggctcacctggtcaagggttgagaccagcctgaccaacatggtgaa   4920

Qy   4921 ACCCGTCTCTAAAAAATACAAAAAATTAGCTGGGCATGGTGGCGCGGCACCCTGTAGTCCCA   4980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4921 accgtctctaaaaaatacaaaaaattagctgggcgtggtggcgcgcacctgtagtccca   4980

Qy   4981 GCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGAGAGCATCGCTTGAACCTGGGAGGCGGAAGTTGCACTGA   5040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4981 gctaattggaaggctgaggcaggagaatcgcttgaacctgggaggcggaggttgcactga   5040

Qy   5041 GCCAAGATCGCGCCACTGCCACTCCAGCCTGGGCGACAGAGTGAGACTCCATCTTAAAAAA   5100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5041 gccaagatcgcgccactgccactccagcctgggcgacagagtgagactccatcttaaaaaa   5100

Qy   5101 AAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAATTCAGAGATCCAGCTATCATATGAATAACCAGGACAAA   5160
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5101 aaaaaaaaaaaaaaaaaagaattcagagatctagctatcatatgaataccaggacaaa   5160

Qy   5161 ATATCAAGTGAGGCCACTTATCAGATAGTAGAAGAATCCTTTAGGTTAAAAGTTTCTTTCAT   5220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5161 atatcaagtgaggccacttatcagatagtagaagaatccttaggttaaaagttttcttcat   5220

Qy   5221 AGAACATAGCAATAATCACTGAAGCTACCTATCTTACAAGTCCGCTTCCTCTTATATACAATGC   5280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5221 agaacatagcaataatcactgaagctacctatcttacaagtccgcttcctctatatacaatgc   5280

Qy   5281 CTCCTAGGTTGACCCAGGTGAAACTGAACAACAAGAACAACATCCAAGTCAATGCACATAA   5340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5281 ctcctaggttgacccaggtgaaactgaaactgaacaacaaagaacaacatccaagtcaatgcacatta   5340

Qy   5341 AGGGACCAATTTATCTATCAGAACAAACATGGTAACATGGGTAACATGGTAACACGTGTTTACATGTG   5400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5341 agggacaatttatctatcagaacaaacatggtaacatgggtaacatggtaacatgtatttacatgtg   5400

Qy   5401 AGGAGAACAAGCTGTCGATCTGACTGCTCTCCAAGTGACACACTGTGTTAGAGTCCAATTTACATGGG   5460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5401 aggagaacaagctgtcgatctgactgctctccaagtgacactgtgttagagtccaatcttagg   5460

Qy   5461 ACACAAAATGGTGTCTCTCCCGTGAGCTTTGTTTTTTTTCTGAAAAGGGTATTTCCTTCCTCC   5520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5461 acacaaaatggtgtctctctccgtagcttgtttttttctgaaaaggggtattttccttcctcc   5520

Qy   5521 AACCTATAGAAGGAAGTGAAAGTTCCAGTCTTCCTGGCAAGGTCAAGGGTAAACAGATCCCCTCTC   5580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5521 aacctatagaaggaagtgaaagttccagtcttcctggcaaggtcaagggtaaacagatcccctctc   5580

```
Qy   5581 CTCATCCTTCTCTCTTCCTGTCAAGTGCCTCCTTTGGTGAAGGTGACACATCATGTGACC 5640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5581 ctcatccttctctcttcctgtcaagtgcctcctttggtgaaggtgacacatcatgtgacc 5640

Qy   5641 TCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGGGCCTTGAACTACTACCCCAGACATCACCACATG 5700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5641 tcttcagtgaccactctacggtgtcgggccttgaactactaccccagacatcaccacatg 5700

Qy   5701 AAGTGGCTGAAGGATAAGCAGCCAATGATGACGAGTTCGAACCTAAAGACGTATTG 5760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5701 aagtggctgaaggataagcagccaatggatgacgagttcgaacctaaagacgtattg 5760

Qy   5761 CCCAATGGGATGGGACCTACCAGGTGGGACCTGATAACCTTGGCTGTACCCCCTGGGGAAGAG 5820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5761 cccaatgggatgggacctaccaggtgggacctgataaccttggctgtacccccctgggggaagag 5820

Qy   5821 CAGAGATATACGTACCAGGTGGACCACCCAGGCCTGGAATCAGCCCCTCATTGTGATCTGG 5880
          |||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5821 cagagatatacgtggccaggtggaccacccaggcctggaatcagccccctcattgtgatctgg 5880

Qy   5881 GGTATCTGACTGATGAGAGCCAGGAGCTGAGAAATCTATTGGGGTTGAGAGGAGTGCC 5940
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5881 ggtatctgactgatgagagccaggagctgagaaatctattgggggttgagaggagtgcc 5940

Qy   5941 TGAGGAGGTAATTATGGCAGTGAGATGAGGATCTGCTCTTTTGTTTTGAGCCCTGGGCTGAGG 6000
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5941 tgaggaggtaattatggcagtgagatgaggatctgctctttgttttgagccctgggctgagg 6000

Qy   6001 GTGGCAATCAAAGGCTTAACTTGCTTTTCTGTTTTAGAGCCCTCACCGTCTCTGCACCC 6060
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6001 gtggcaatcaaaggcttaacttgcttttctgtttttagagcccctcaccgtctcgcaccc 6060

Qy   6061 TAGTCATTGGAGTCATCAGTGGAATTGCGTGTTTTGTCGTCATCTTGTTCATTGGAATT 6120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6061 tagtcattggagtcatcagtggaattgcgtgttttgtcgtcatctgttcattggaattt 6120

Qy   6121 TGTTCATAATATTAAGGAAGAGGCAGGGTTCAAGTGAGTGAGTAGGAACAAGGGGAAGTCTCCT 6180
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6121 tgttcataatattaaggaagaggcagggttcaagtgagtgagtaggaacaagggggaagtctct 6180

Qy   6181 TAGTACCTCTGCCCCAGGGCACAGTGGGAGAGGGGCAGAGGGGATCTGGCATCCATGGG 6240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6181 tagtacctctgccccagggcacagtgggagaggggcagagggggatctggcatccatggg 6240

Qy   6241 AAGCATTTTCTCATTTATATTCTTTGGGGACCACCAGCCCCTGGGGACAGCAGAGAAAT 6300
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6241 aagcattttctcatttatattcttttgggggaccaccagccccctgggggacagcagaaaat 6300

Qy   6301 AATGGTTCTCCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCACAACAAACATCTTCAGAGCACCTACTAT 6360
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6301 aatggttctccccagaatgaaagtctctaattcacaacaaacatcttcagagcaccactat 6360

Qy   6361 ATCACATTCAGCTGGGATCAAGATAGCCTTCTGGATCTTGAAGGTTGAGAAGCTCACTGTGGCTAT 6420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6361 atcacattcagctgggatcaagatagccttctcggatcttgaaggttgagaaagctcactgtggctat 6420

Qy   6421 TCTCAGAACCCAAATCTGGTAGGGAATGAAATTGATGAAGGTGGCAAGTAAATGTAGTTAAAGAAG 6480
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6421 tctcagaaacccaaatctggtaggggaatgaaattgatgaaggtggcaagtaaatgtagtaaagaag 6480

Qy   6481 ACCCCAGTGTCCTAAAGCAGGCAGGAACCAAATGCTTAGGGTGTCAAAGGAAAGAATG 6540
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6481 accccagtgtcctaaagcaggcaggaacccaaatgcttaggggtgtcaaaggaaagaatg 6540

Qy   6541 ATCACATTCAGCTGGGATCAAGATAGCCTTCTGGATCTTGAAGGAGAAGCTGGATTCCA 6600
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6541 atcacattcagctgggatcaagatagccttctcggatcttgaaggaggaagctggattcca 6600

Qy   6601 TTAGGTGAGGTTGAAGATGATGGGGAGGTCTACACAGACGGCAACCATGCCAAGTAGGA 6660
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6601 ttaggtgaggttgaagatgatggggaggtctacacagacggcaaccatgccaagtagga 6660
```

```
Qy   6661 GAGTATAAGGCATACTGGGAGATTAGAAATAATTACTGTACCTTAACCCTGAGTTTGCGT 6720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6661 gagtataaggcatactgggagattagaaataattactgtaccttaaccctgagtttgcgt 6720

Qy   6721 AGTATCACTCACCAATATGCATTCATTCTACCCCCTGAACATCTGTGTGTGGGAAAAGA 6780
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6721 agtatcactcaccaatatgcattcattctaccccctgaacatcgtggtggtagggaaaaga 6780

Qy   6781 GAATCAGAAAGAGAGCCAGCTCATCAGAGTCCAGGGGTCTTTTGGGATATTGGGTTATGA 6840
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6781 gaatcagaaagagagccagctcatacagagtccagggtctttgggatattgggtttatga 6840

Qy   6841 TCACTGGGTGTCATTGAAGGATCCTAAGGAGGAGACCACGATCTCCCTATATGGTG 6900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6841 tcactgggtgtcattgaaggatcctaaggaggagaccacgatctccctatatggtg 6900

Qy   6901 AATGTGTGTTAAGAAGTTAGATGAGGGTGAGGAGAGACCAGTTAGAAAGCCAATAAGCAT 6960
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6901 aatgtgtgttaagaagttagatgagggtgaggagagaccagttagaaagccaataagcat 6960

Qy   6961 TTCCAGATAGAGATAAATGGTTCTTGAAATCCAATGTCCCAGGTCTAAATTGAGATGG 7020
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6961 ttccagatgagagataaatggttcttgaaatccaatgtcccaggtctaaattgagatgg 7020

Qy   7021 GTGAATGAGGAAAATAAGGAAGAGAGAGAGAGAGAGATGGTGCCTAGGTTTGTGATGCCT 7080
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7021 gtgaatgaggaaaataaggaagaggagagagagagatggtgcctaggtttgtgatgcct 7080

Qy   7081 CTTTCCTGGGCTCTCTGTCTCCACAGGAGGAGGAGCCATGGGGCACTACTACGTCTTAGCTGAACG 7140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7081 ctttcctgggctctctgtctccacaggaggagcccatgggggcactacgtccttagcctgaacg 7140

Qy   7141 TGAGTGACACGCAGCCTGCAGACTCACTGTGGGAGGAGACAAAACTAGAGACTCAAAGA 7200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7141 tgagtgacacgcagcctgcagactcactgtggggaggagacaaaactagagactcaaaga 7200

Qy   7201 GGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCAGTGTTCAGGGGAGAGTTGAACCTAAACATAGAAATT 7260
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7201 gggagtgcattttatgagctcttcagtgtttcaggggagagttgaacctaaacatagaaatt 7260

Qy   7261 GCCTGACGAACTCCTGATTTTAGCCTTCCTCGTGTTTCCTCCATCGTGTGACCTCTCCCCTGGAACTG 7320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7261 gcctgacgaactcctgatttagcctttccatctgttcattcctccaaaagatttccccat 7320

Qy   7321 TTAGGTTCTGAGTTCCTGCATGCCGGTGATCCCCGGTGTGACCCTCCCCCTGGAACTG 7380
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7321 ttaggtttctgagttcctgcatgccggtgatccccggtgtgaccctccccctggaactg 7380

Qy   7381 TCTCTCATGAACCTCAAGCTGCATCTAGAGGCTTCCTCCATTTCCTCCGTCACCTCAGAG 7440
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7381 tctctcatgaacctcaagctgcatctagaggcttccatttccttccgtcacctcagag 7440

Qy   7441 ACATACACCATGTCATTCATTTCATTCATTTAAACATCTGAGAAAAGTTTGAACCCTTGGGGA 7500
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7441 acatacaccatgtcattcatttcatttcattttgaagaggactcctaaatttggggga 7500

Qy   7501 CTTACATGATTCATTTAACATCTGAGAAAAGTTTGAACCCTGGGACGTGGCTAGTCAT 7560
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7501 cttacatgattcatttaacatctgagaaaagtttgaaccctgggacgtggctagtcat 7560

Qy   7561 AACCTTACCAGATTTTTACACATGTATCATGTTTTCGGACCCGTTCAACTTTTCCT 7620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7561 aaccttaccagattttacacatgtatcatgtttttcggacccgttcaacttttcct 7620

Qy   7621 TTGAATCCTCTCTGTGTTACCCAGTAACTCATCATCGTCACCTGGGATTCTTC 7680
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7621 ttgaatcctctctgtgttaccccagtaacatcatcctgtcaccaagcctgggatctttc 7680

Qy   7681 CATCTGATTGTGATGTGAGTTGCACAGCTGCACGTGCACTGTACACTGCACCAAGTGGAAGAG 7740
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7681 catctgattgtgatggagttggaaggcctgcacgtgcacctgtacactgcaccaagtgagag 7740

Qy   7741 GCACCTGTCCCAGAAAAAGCATCATGGGCTATCGTGTGGTAGTATCGTGTGTTTTTAGC 7800
```

Left column:

```
Db  7741  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
          gcacctgctcccagagaaaagcatcatggctatcctggtgggtagtatgatgggtgttttagc  7800

Qy  7801  AGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGTTGTGAAGAGGTGTTTTTCTAATTGGCATGA
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7801  aggtaggaggcaaatacctgaaagggttgtgaagaggaggtgtttttctaattggcatga  7860

Qy  7861  AGGTGTCATACAGATTTGCAAAGTTTAATGTGCCTTCATTTGGATGCTACTCTAGTAT
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7861  aggtgtcatacagatttgcaaagtttaatgtgccttcatttggatgctactctagtat  7920

Qy  7921  TCCAGACCTGAAGAATCACAATAATTTCTACCTGGTCTCTCCTTGCTCTGTGATAATGAAA
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7921  tccagacctgaagaatcacaataatttctacctggtctctccttgctctgtgataatgaaa  7980

Qy  7981  ATTATGATAAGGATGATAAAAGCACTTACTTCGTGTCCGACTCTTCTGAGCACTACTTA
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7981  attatgataaggatgataaaagcacttacttcgtgtccgactcttctgagcacctactta  8040

Qy  8041  CATGCATTACTGCATGCACTTCTTACAATAATTCATGAGATAGGTACTATTATCCCCAT
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8041  catgcattactgcatgcactctttacaataattcatgagatagggtactattatcccat  8100

Qy  8101  TTCTTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGTAGGCCGGGCACGGTGGCTCACGCCTGTAATCCC
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8101  tctttttttaaatgaaggaaagtgaagtaggccgggcacggtggctcacgcctgtaatccc  8160

Qy  8161  AGCACTTGGGAGGCCAAAGCGGGCGGATCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCCTGGC
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8161  agcacttgggaggccaaagcgggcggatcacgaggtcaggagatcgagaccatcctggc  8220

Qy  8221  TAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGCAG
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8221  taacatggtgaaaccccatctctaataaaaatacaaaaaattagctgggcgtggtggcag  8280

Qy  8281  ACGCCTGTAGTCCACTCGGGAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCATGAACCCAGGAGG
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8281  acgcctgtagtccactcgggaggctgaggcaggagaatggcatgaacccaggagg  8340

Qy  8341  CAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTTGCGCCACTGCCTGCACTCCAGCCTGGGCAACAGAGTGAGA
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8341  cagagcttgcagtgagccgagtttgcgccactgcctgcactccagcctgggacagagtgaga  8400

Qy  8401  CTCCATCTCAAAAATAAAATAAAAATAAAAATGAAAAAAGAAAGTGAAGTA
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8401  ctccatctcaaaaataaaataaaaataaaaatgaaaaaaagaaagtgaagta  8460

Qy  8461  TAGAGTATCTCATAGTTGTCAGTGAGAAACAGTTTCAAACTCAGTCAATCTGACCG
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8461  tagagtatctcatagtctcatagtttgtcagtgaaacagtttcaaactcagtcaatctgaccg  8520

Qy  8521  TTTGATACATCTCAGACACCTCTGGAATGTGACTCAGTAGTTTAGATGCCTAGAATAAAATAGAGAA
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8521  tttgatacatctcagacaccactcttcagtatggatgtttagatgcctagaataaatagagaa  8580

Qy  8581  GGAAGGAGAGATGCTCTTCACTTGTTCATTGGTGGGGACTTGTAATTGGTGGGGACTTCTGAATCACAT
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8581  ggaaggagatgctctctcattgtttcattggtggggacttgtaattggtgcggttgaatcacat  8640

Qy  8641  GAAGGGGAACAGCAGAAAAACAACCAACTGATCCTCCAGCTGTCATGTTCCTTTAAAAGTC
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8641  gaaggggaacagcagaaaaacaaccaactgatcctccagctgtcatgttccttaaaagtc  8700

Qy  8701  CCTGAAGGAAGGTCCTGGAATGTGACTCCTCTGTTGCTCTCCTTGGCATTCA
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8701  cctgaaggaaggtcctggaatgtgactcctctgttgctctccttggcattca  8760

Qy  8761  TTTCTTTGGACCCTACGGCCAAGGACTTGTAATTGGTGGGGACACTGTAATTGGTAGCCTGCTGGGC
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8761  tttcttggaccctacgcaaggacctgtaattggtggggacagctgggccctgctgggc  8820

Qy  8821  TTCACACAGCGGTGCCTCCCAGGCCAGTCCTGGAGTCAGAACTCTCTGGTATTTC
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8821  ttcacacagcggtgtcctcccagagccagtcctggagtcagaactctgtggtattc  8880
```

Right column:

```
Db  8821  ttcacacacggtgtcctccccagaggccagtcctggtggtcagaactctgtggtggtattc  8880

Qy  8881  CCTCAATGAAGTGAGTGAGTAAGCTCTCTCATTTGAGATGGTATAATGGAAGCCACCAAGTG
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8881  cctcaatgaagtggagtaagctctctccatttgagatggtataatggaagccaccaagtg  8940

Qy  8941  GCTTAGAGGATGCCCAGTCCTTCCATGGAGCCACTGGGGGTTCCGTGCACATTAAAAAA
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8941  gcttagaggatgccaggtccttccatggaggcactggggttccgtgcacattaaaaaaa  9000

Qy  9001  AAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCTAGATTCTGGGAAATCAGTTCACCATGTTCA
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9001  aaaatctaaccaggacattcaggaattgctagattctgggaaatcagttcaccatgttca  9060

Qy  9061  AAAGAGTCTTTTTTTTTTGAGACTCTTCTTGGACTCATTGCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCATGAT
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9061  aaagagtcttttttttttttggagactcattgcccaggctgggagtgcaatggcatgat  9120

Qy  9121  CTCGGCTCACTGTAACCTCTGCTCCCAGGTTCAAGCGATTCTCCTGCCTCAGCCTCCCA
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9121  ctcggctcactgtaacctctgcctcccaggttcaagcgattctcctgcctcagcctccca  9180

Qy  9181  AGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCATGCCCGGCTAATTTTTGTATTTTTAGTAGA
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9181  agtagctgggattacaggcgtgcaccaccatgcccggctaatttttgtattttttagtaga  9240

Qy  9241  GACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCCTGACCTCGTGATCCGCC
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9241  gacagggtttcaccatgttggccaggctggtctcgaactcctgacctcgtgatccgcc  9300

Qy  9301  TGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGCGTGAGCCACCGCGCCCGGCCTCAAA
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9301  tgcctcggcctcccaaagtgctgagattacaggcgtgagccaccgcgcccagccgtcaaa  9360

Qy  9361  AGAGTCTTAATATATATATCCAGATGGCATGTGTTTACTTATGGTAGTAGTAGTACTG
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9361  agagtcttaatatatatccagatggcatgtgttttattttatgttactactacgcacttg  9420

Qy  9421  GCTGCATAAATGTGGTACAGCATTCTGCTCTGCGGAGGGCAGGTCGCTGCTTCAGGATACCATAT
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9421  gctgcataaatgtggtacagcatctgtctgaaggggcagtgcttcaggatacccatat  9480

Qy  9481  ACAGCTCAGAAGTTCTTCTTCTTAGGCATTAAATTTAGCAAGATATCTCATCTCTCTT
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9481  acagctcagaagttcttctttaggcattaaatttagcaaagatatctcatctctctt  9540

Qy  9541  TTAAACCATTTTTTTTTTTTGTGGTTAGAAAAGTATGTAGAAAAAGTAAATGTGATTT
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9541  ttaaaccatttttcttttttgtgtggttagaaaagtatgtagaaaagtaaatgtgattt  9600

Qy  9601  ACGCTTCATTGTAGAAAAGCTATAAAATGAATAACAATTAAAAGCTGTTATTAATTAGCCAG
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9601  acgcttcattgtagaaaagctataaaatgaataacaattaaaagctgttattaattagcag  9660

Qy  9661  TGAAAAACATTAACAACTTGCTCTATTAACCTGTCTATTAGTATTAGTTGCATTAAAAATGCA
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9661  tgaaaaactattaacaacttgctctattaacctgttgtcattagtgttagttgcattaaaatgca  9720

Qy  9721  TATACTTAATAAATGTAATTGTGTATATTGTAATTGTGTATACTGCATGATTTATTGAAGTTCTTGTTC
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9721  tatacttaataaatgtatatgtataatgtgtatactgcatgatttattgaagttctgttc  9780

Qy  9781  ATCTTGTGTATATACTTAATCGCTTTGTCATTTTGCTCTCTTTGGCATTCA
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9781  atcttgtgtatatacttaatcgctttgtcatttgtcttccaattt  9840

Qy  9841  CTTTACATTTTGTGCTTTACGGCGAATATTTTCATTCAACTGTGTAGCCGAATTAATCGTGTT
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9841  ctttacatttgtcttacggaatatttttcattcaactgtggtagccgaattaatgca  9900

Qy  9901  TCTTCACTCTAGGGACATTGTCGTCTAAGTTGTAAGACATTGGTATTTTACCAGCAAAC
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9901  tcttcactctagggacatttgtcgtcgtccaagttgtaagacattggtatttttaccagcaaac  9960
```

```
Qy    9961  CATTCTGAAAGCATGACAAATTATTTCTCTCTTAATAATCTTACTATACTGAAAGCAGA  10020
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9961  cattctgaaagcatgacaaattatttctctcttaataatcttactatactgaaagcaga  10020

Qy   10021  CTGCTATAAGGCTTCACTTACTCTTCTACCTCATAAGGAATATGTTACAATTAATTTATT  10080
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10021  ctgctataaggcttcacttactcttctacctcataaggaatatgttacaattaatttatt  10080

Qy   10081  AGGTAAGCATTGTGTTTATTATTGGTTTATTTCACCTGGCGTGAGATTTCAAGAAACACC  10140
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10081  aggtaagcattgtgtttattattggtttatttcacctggcgtgagatttcaagaaacacc  10140

Qy   10141  CCAGTCTTCACAGTAACACATTCACTAACACATTACTAACACATCAGCAACTGTGGCCT  10200
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10141  ccagtcttcacagtaacacattcactaacacattactaacacatcagcaactgtggcct  10200

Qy   10201  GTTAATTTTTTAATAGAAATTTAAGTCCTCATTTTCTTCCGTGTTTTTAAGCTTAA  10260
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10201  gttaatttttttaatagaaatttaagtcctcattttcttccgtgttttttaagcttaa  10260

Qy   10261  TTTTTCTGGCTTTATTCATAAATCTTAAGGTCAACTACATTTGAAAAATCAAAGACCTG  10320
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10261  tttttctggctttattcataaatcttaaggtcaactacatttgaaaaatcaaagacctg  10320

Qy   10321  CATTTTAAATTCTTATTCACCTCTGCCAAAACCATTCACAAAACCATGTGTAGTAAAGAGAA  10380
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10321  cattttaaattcttattcacctctggcaaaaccattcacaaaaccatgtgtagtaaagagaa  10380

Qy   10381  GGGTGACACCTGGTGGCCATAGGTAAATGTACCACGGTGTCCGGTGACCAGAGATGCAG  10440
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10381  gggtgacacctggtggccataggtaaatgtaccacggtgtccggtgaccagagatgcag  10440

Qy   10441  CGCTGAGGGTTTTCCTGAAGGTAAAGGAATAAAGAATGGTGAGGGCGTGAGGGGCGTGCACTGAA  10500
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10441  cgctgagggttttcctgaaggtaaaggaataaagaatggtgagggcgtgaggggcgtgcactggaa  10500

Qy   10501  ATCACTTGTAGAGAAAAGCCCCTGCAAAATTTGAGAAAACAAACAAGAAAACTACTACCAG  10560
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10501  atcacttgtagagaaaagcccctgcaaaatttgagaaaacaaacaagaaaactactaccag  10560

Qy   10561  CTATTTGAATTGCTCGGAATCACAGGCCATTCACAGCCTCCTGAGCTCTGAACTGGGACACAACAG  10620
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10561  ctatttgaattgctcggaatcacaggccattcacagcctcctgagctctgaactgggacacaacag  10620

Qy   10621  AAGGAAAACAAAACCACTCTGATAATCATTGAGTCAAGTACAGCAGTGATTGAGGACTGC  10680
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10621  aaggaaaacaaaaccactctgataatcattgagtcaagtacagcagtgattgaggactgc  10680

Qy   10681  TGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTGTGTATTGTATTATAATAATGTCATCTTATAATAACTGT  10740
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10681  tgagaggtacaggccaaaattctgtgtattgtattatataataatgtcatcttataatactgt  10740

Qy   10741  CAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTCACACACATTTAAAAACAAAACACTGCTCTC  10800
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10741  cagtattttataaaacattcttcacaaactcacacacatttaaaaacaaaacactgtctc  10800

Qy   10801  TAAAATCCCCAAATTTTCATAAAC  10825
            ||||||||||||||||||||||||
Db   10801  taaaatccccaaattttcataaac  10825
```

RESULT 3

```
AAC68428
ID   AAC68428   standard; DNA; 10825 BP.
XX
AC   AAC68428;
XX
DT   21-FEB-2001   (first entry)
XX
DE   Human hereditary hemochromatosis 24d1/2 mutation DNA.
XX
KW   HH; hereditary hemochromatosis; chelation agent;
```

KW   T-cell differentiation factor; iron overload; ds.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
PN   US6140305-A.
XX
PD   31-OCT-2000.
XX
PF   04-APR-1997;   97US-0834497.
XX
PR   04-APR-1996;   96US-0630912.
PR   16-APR-1996;   96US-0632673.
PR   23-MAY-1996;   96US-0652265.
XX
PA   (BIRA) BIO-RAD LAB INC.
XX
PI   Thomas WJ,   Drayna DT,   Gnirke A,   Ruddy D,   Tsuchihashi Z,   Wolff RK;
PI   Feder JN;
XX
DR   WPI; 2001-006341/01.
DR   P-PSDB; AAB36672.
XX
PT   New hereditary hemochromatosis gene products or polypeptides, useful
PT   for treating hereditary hemochromatosis in a patient, and as a metal
PT   chelation agent alleviating iron overload -
XX
PS   Disclosure; Fig 3; 108pp; English.
XX
CC   The present invention relates to hereditary hemochromatosis gene
CC   products. These proteins may be used to treat a patient diagnosed as
CC   having human hemochromatosis disease. It is also useful as a metal
CC   chelation agent or as a T-cell differentiation factor, and for
CC   alleviating iron overload. They may also be used in protein replacement
CC   therapy for individuals having a defective human hemochromatosis gene.
XX
SQ   Sequence 10825 BP;   2999 A;   2252 C;   2648 G;   2926 T;   0 other;

Query Match   100.0%;   Score 10823.4;   DB 22;   Length 10825;
Best Local Similarity   100.0%;   Pred. No. 0;
Matches 10824;   Conservative   0;   Mismatches   0;   Indels   1;   Gaps   0;

```
Qy      1  TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTAAATATGATTGAATTTTGAAAATCATAAAATATTA  60
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||
Db      1  tctaaggttgagataaaatttttaaatatgatttgaattttgaaaatcataaaatattta  60

Qy     61  AAATATCTAAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAGCTACTTCCCAATCAACAACACCCCT  120
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     61  aaatatctaaagttcagatcagaacattgcgaagctacttcccaatcaacaacacccct  120

Qy    121  TCAGGATTTAAAAACCAAGGGAGCACTGGACTAAAGTCTGAAAGACCTAGTAGGTGACTTCACCAGTGTTCACAAGCAGTACCTT  180
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    121  tcaggatttaaaaaccaaggggacactggactaaagtctgaaagacctgtaggtgacttcaccagtgttcacaagcagtacctt  180

Qy    181  CTGCTGTAGGAGAGAGGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTAGGTGACTCTGGAGCCATCCCCG  240
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    181  ctgctgtaggagagaggagagaactaaagtctgaaagacctgtaggtgactctggagccatccccg  240

Qy    241  TTACTGGCATCTCCTGAGCCTAGGCAATAGCTGTAGGGTGCTAGGTGACTTCTGGGAGCTGGGGAA  300
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    241  ttactggcatctcctgagcctaggcaatagctgtaggtgactttgactcctggagccatcccg  300

Qy    301  TTTCCCCGCCCCCCAAAAGAAGCCGAGATTTAACGGCGAGTCGCGGCCAGAGCTGGGGAA  360
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    301  ttttcccccgccccccaaaaaagaaagaagcggagagattTaacgggacgtgcggccagagctgggggaa  360

Qy    361  ATGGGCCCCGAGCCAGGCCAGGCCGCTTCTCCTCCTGATGCTTTTGCAGACCCCGGTCCTG  420
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    361  atgggccccgagccaggccaggccgcttctcctcctgatgctttttgcttcagaccgggtcctg  420

Qy    421  CAGGGGCGCTTGCTGCTGTGAGTCCGTGAGTCCGAGGGCTGCGGCCGAACTAGGGGCGGGGGTG  480
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    421  caggggcgcttgctgctgtgctgtgagtccgagggctgcggccgaactaggggcggcggggtg  480
```

Right column:

```
Qy  1561 CAAAATTATTCAATGGTACACTGGGCTTGGTGGCGAGCTCATGTCCCACTTCATAGC 1620
         ||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1561 caaatttattcaatggtacactgggcttggtggcgagctcatgtcccacttcatagc 1620

Qy  1621 TATGATTCTAAACATCACACTGCATTAGAGGTTGAATAATAAAATTCATGTTGAGCAG 1680
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1621 tatgattcttaaacatcacactgcattagaggttgaataataaaattcatgttgagcag 1680

Qy  1681 AAATATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGTCCAGCCATGTGTTGCACTGTTCAAGCCC 1740
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1681 aaatattcattgtttacaagtgtaaatgagtcccagccatgtgtgcactgttcaagccc 1740

Qy  1741 CAAGGGAGAGCAGGAAACAAGTCTTACCCTTTGATATTTGATTCTCAGTGGGAGA 1800
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1741 caagggagagcaggaaacaagtcttaccctttgatatttgcattctcagtgggaga 1800

Qy  1801 GATGACAATAAGCAAATGAGCAGAAGATATACACATCAGGAAATCATGGGTGTTGTGA 1860
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1801 gatgacaataagcaaatgagcagaaagatatacacactcaggaaatcatgggtgttgtga 1860

Qy  1861 GAAGCAGAGAAGTCAGGGCAAGTCACTCTGGGGCTGACACTTGAGCAGACATGAAGGA 1920
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1861 gaagcagagaagtcagggcaagtcactctgggctgacacttgagcagacatgaagga 1920

Qy  1921 AATAAGAATGATATTGACTGGGAGCAGTATTTCCCAGGCAAACTGAGTGGCCTGCAAG 1980
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1921 aataagaatgatattgactgggagcagtatttcccaggcaaactgagtgggcctggcaag 1980

Qy  1981 TTGGATTAAAAGCGGGTTTTCTCAGCACTACTCATGTGTGTGTGTGTGGGGGGG 2040
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1981 ttggattaaaaagcgggttttctcagcactactcatgtgtgtgtgtgtgggggggggggg 2040

Qy  2041 CGGCGTGGGGTGGGAAGGGGACTTTGGTGGAAGGGTGGAGCTCTAGCAGTATCCTGT 2100
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2041 cggcgtggggtgggaagggggactaccatcgcatgtaggtctagcagtatccgtgt 2100

Qy  2101 CCTCCCTACTCACTAGGTGCTAGGACGCACTCCCCCAGTCTTGACAACCAAAATGTCTCT 2160
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2101 cctccctactcactagtgctactagtgctactagtgctttgacaacaaaagtgtctct 2160

Qy  2161 AAACTTTGCCACATGTCACCTAGTAGACAAACTCCTGGTTAAGAAGCTCGGGTTGAAAAA 2220
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2161 aaactttgccacatgtcacctagtagacaaactcctggttaagaagctcgggttgaaaaa 2220

Qy  2221 AATAAACAAGTAGTGCTGTGGGAGTAGGAGGTAGGAGGTAGGGTCTCAGCCAAGGAGTA 2280
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2221 aataaacaaggttgtgcgtagcgtggggtgtgaggtgaatgtagggtctagccaaggagga 2280

Qy  2281 GCCACAAACAAGGTTGTGCGAGGCCCTGTGCAGGCTTTAAAAGATTGCTCTGGCGTATGTGA 2340
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2281 gccacacaacaaggtcgcaggcgcctaggcgcctagctagccatatgtgcaatctctgga 2340

Qy  2341 ACAGTAGTGGAGTTGGCTCACAGGATTCTATGTTTGTCTATGTGATGTGTATGTGAAATG 2400
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2341 acagtgatctgtcacaggatgctcggctgagggatgtcggctgagcagtcagtatcctgaa 2400

Qy  2401 AAGGGAGCAACAGTAAAAGCAGGAGCAAGCTGTTACACAGTGTTCAGGCAAG 2460
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2401 aagggagcaacacagtaaaagcagggagcccggaagctgttacacagtcaggcaag 2460

Qy  2461 AGGTAGTGGAGTTGGGCTGGGTGGAACAGCAGAAAAGGAGTGACAAACCATTGTCTCCTGAA 2520
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2461 aggtagtggagttggctggggtgggtggaacagcagaaaagggagtgacaaaccattgtctcctgaa 2520

Qy  2521 TATATTCTGAAGGAGTTGCTCGAAGGATTCTATGTTGTGTGAGAGGAAGAATTCG 2580
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2521 tatattctgaaggaggttgctgaaggattctatgttgtgtgagagaagaagaattgg 2580

Qy  2581 CTGGGTGTAGTAGCTCATGCCAAGAATGGCATGGCACGGCCTGCTTCCTGG 2640
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2581 ctgggtgtagtagctcatgccaagaggccaaggaggccagattcctgagctcagga 2640

Qy  2641 GTTCAAGACCAGCCTGGGCAACACAGCAAACCCCTTCTCTACAAAAAATACAAAAATTA 2700
```

Left column:

```
Qy   481 GAAAAATCGAAACTAGCTTTTTCTTTGCGCTTGGGAGTTGCTCAACTTTGAGGACCTGC 540
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   481 gaaaaatcgaaactagctttttcttttgcgcttgggagttgctcaacttttgaggacctgc 540

Qy   541 TCAACCCTATCCGCAAGCCCCTCCCTCACTTTCTGCGTCCCAGACCCGTGAGGGAGTGC 600
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   541 tcaaccctatccgcaagcccctccctctcactttctcgtccagaccccgtgagggagtgc 600

Qy   601 CTACCACTGAACTGCAGATAGGGGTCCCTGCCCCCAGGACCTGCCCCCTGCCCCGGCTGT 660
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   601 ctaccactgaactgcagataggggtccctgccccaggacctgccccctgccccggctgt 660

Qy   661 CCCGGCTCTGCGGAGTGACTTTGGAACCGCCCACTCCTTCCCCCAACTAGAATGCTTT 720
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   661 cccggctcgcgggagtgactctttggaaccgccactccttccccccaactagaatgcttt 720

Qy   721 TAAATAAATCTCGTAGTTCCTCACTTGAGCTCAAGCCTGGGGCTTCCTTGAACCTGG 780
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   721 taaataaatctcgtagttcctcacttgagctcaagcctgggctcctttgaacctgg 780

Qy   781 AACTCGGGTTATTTCCAATGTCAGCTGTGCCAGTTTTTCCCAGTCATCTCCAAACAGG 840
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   781 aactcgggtttatttccaatgtcagctgtgcagtttttcccagtcatctccaaacagg 840

Qy   841 AAGTTCTTCCCTGAGTGCTTGCCGAGAAGGCTGAGCAAACCCACAGCAGGATCCGCACGG 900
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   841 aagttcttccctgagtgcttgccgagaaggctgagcaaaccacagcaggatccgcacgg 900

Qy   901 GGTTTCCACCTCAGACGAATGCGTTGGGCGCGTGGGCGCCGGAAAGAGTGCGTTGGGGA 960
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   901 ggtttccacctcagaacgaatgcgttgggcgtgggcggcgaaagagtggcgttgggga 960

Qy   961 TCTGAATTCTTCACCATTCCACCCACTTTGGTGAGACCTGGGGTGGGAGGTCTCTAGGGT 1020
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   961 tctgaattcttcaccattccaccactttggtgagacctggggtggaggtctctagggt 1020

Qy  1021 GGGAGGCTCCTGAGAGAGGCCACCCCTACCTGGCCTTCCCCACTCTGGCAATTGTCTTTT 1080
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1021 gggaggctcctgagagaggcctacctggccttcccccactctggcaattgtctttt 1080

Qy  1081 GCCTGGAAAATTAAGTATATGTAGTTTGAACGTTTGAACGTTAAGAGGCCCTCTCTTTCGG 1140
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1081 gcctggaaaattaagtatatgtagtttgaacgttttgaacgttaactgaacaattctctttcgg 1140

Qy  1141 CTAGGCTTTATTGATTTGCAATGTCTGTGTAATTAAGAGGCCTCTCTCACAAAGTACTGA 1200
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1141 ctaggcttttattgatttgcaatgtctgtgtaattaagaggcctcctcacaagtactga 1200

Qy  1201 TAATGAACATGTAAGCAATGGCATAGGGAGGTAGGAGCTAATAATACGTTTATTTTATTTGA 1260
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1201 taatgaacatgtaagcaatgtaagcaatgggagtaggagctaataataatctcttattttga 1260

Qy  1261 TTTTCACTAGGCATAGGGAGGTAGGAGCTAATAATCGTTTATTTTACTAGAAGTTAACT 1320
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1261 ttttcactaggcataggggaggtaggagctaataatacgtttgacagtgatttgccctgtaa 1320

Qy  1321 GGAATTCAGATTATATAACTCTTTCAGGTTACAAAGACATAAATAATCTGGTTTTCTG 1380
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1321 ggaattcagattatataactctttcaggttacaaagcataaataatctggttttctg 1380

Qy  1381 ATGTTATTTCAAGTACTACAGCTGCTTCTAATCTTCAGTTACAGTGTTTTGGTA 1440
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1381 atgttatttcaagtactacagctgcttctaatcttcagttgacagtgatttggta 1440

Qy  1441 TGTAGCACAGTGTTCTGTGGGTCACACGCAGCAGCACTTTGAGTTTTGGTA 1500
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1441 tgtagcacagtgttctgtgggtcacacgcagcagcactttgagtttttggta 1500

Qy  1501 CTACGTGTATCCCACATTTACACATGACAAGAATGGCATGAGGCACGGCCTGCTTCCTGG 1560
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1501 ctacgtgtatcccacatttacacatgacaagaatgggcatgaggcacggcctgcttcctgg 1560
```

```
Db           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
             gttcaagaccagcctgggcaacacagcaaaccctttcctacaaaaaatacaaaaaatta  2700
Qy  2701  GCTGGGTGGTGGCATGCACCTGTGATCCTAGCTACTCGGGAGGCTGAGGCTGGAGGGTA  2760
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2701  gctgggtggtggcatgcacctgtgatcctagctactcgggaggctgaggctggagggta  2760
Qy  2761  TTGCTTGAGCCCAGGAAGTTGAGGCTGCAGTGAGCCATGACTGTGCCCACTGTACTTCAGC  2820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2761  ttgcttgagcccaggaagttgaggctgcagtgagccatgactgtgccactgtacttcagc  2820
Qy  2821  CTAGTGACAGAGCAAGACCCTGTCTCCCCTGACCCCTGAAAAAGAGAGAGTAAAGT  2880
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2821  ctaggtgacagagcaagacaagaccctgtctcccctgacccctgaaaaagagagagtaaagt  2880
Qy  2881  TGACTTGTTCTTTATTTAATTTATTGGCCTGAGCAGTGGGTAATTGGCAATGCCAT  2940
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2881  tgacttgttctttattttaattttattggcctgagcagtgggtaattggcaatgccat  2940
Qy  2941  TTCTGAGATGGTGAAGGCAGAGGAAAGAGCAGTTGGGTAAATCAAGGATCTGCATTTG  3000
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2941  ttctgagatggtgaaggcagaggaaagagcagttgggtaaatcaaggatctgcatttg  3000
Qy  3001  GGACATGTTAAGTTTGAGATTCCAGTCAGGCTTCCAAGTTGGTGAGGCCACATAGGCAGTT  3060
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3001  ggacatgttaagtttgagattccagtcaggcttccaagttggtgaggccacataggcagtt  3060
Qy  3061  CAGTTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGCACGGTGGCTCACTTCTGTAATCCCAGCACT  3120
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3061  cagttgtaagaattcaggaccaaggctggcacggtggctcacttctgtaatcccagcact  3120
Qy  3121  TTGGTGGCTGAGGCAGGTAGATCATTTGAGGTCAGGAGTTTGAGACAAGCTTGCCAACA  3180
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3121  ttggtggctgaggcaggtagatcattggaggtcaggagtttgagacaagcttggccaaca  3180
Qy  3181  TGGTGAAACCCCATGTCTACTACAAAATACAAAAATTAGCCTGGTGTGGTGGCGCACGCCT  3240
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3181  tggtgaaaccccatgtctactactaaaaatacaaaaattagcctggtgtggtggcgcacgcct  3240
Qy  3241  ATAGTCCAGGTTTTCAGGAGGCTTAGGTAGGAGAATCCCTTAGGAGGCCAGGAGGTGCAGG  3300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3241  atagtccaggtttttcaggaggcttaggtaggagaatcccttaggaggccaggaggtgcagg  3300
Qy  3301  TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGATAGAGTGAGACTCTGT  3360
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3301  ttgcagtgagctgagattgtgccactgcactccagcctgggtgatagagtgagactctgt  3360
Qy  3361  CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTCAGGGATTTGGG  3420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3361  ctcaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaactgaaggaattattcctcaggggatttggg  3420
Qy  3421  TCTAATTTGCCCTGAGTTCAACTACCATGGCTAGACACACCTTAAC  3480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3421  tctaatttgccctgagttcaactaccatggctagacacaccttaac  3480
Qy  3481  ATTTTCTAGAATCCACCACCAGCTTTAGTGGAGTCTGTCTAATCATCAGTAATTGGAATAGGAT  3540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3481  attttctagaatccaccaccagctttagtggagtctgtctaatcatcagtattggaataggat  3540
Qy  3541  CTGGGGCAGTGAGGGGTGCAGCCACGTGCAGCCACGTGCCAGAGAAAGCACACAAGGAAAGAGC  3600
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3541  ctggggcagtgagggggtgagggggtggcagccacgtgccagagaaaagcacacaaggaaagagc  3600
Qy  3601  ACCCAGGACTGTCATATGGAAGAAGAACAGGACTGCAACTCACCCTTCACAAAATGAGGA  3660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3601  acccaggactgtcatatggaagaagaacaggactgcaactcacccttcacaaaatgagga  3660
Qy  3661  CCAGACACAGCGATGGTGTATGCAGGTGATGCAGGTGTGCAGTGGTGTGCTGCTCCC  3720
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3661  ccagacacagcgatggtgtatgcaggtgatgcaggtgtgcagtggtgtgctgctccc  3720
Qy  3721  CTCCTACTACACACATGGTTAAGGCCTGTTGCTCTCGTCTTGCTCCACTCTCTGCACTA  3780
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3721  ctcctactacacatggttaaggcctgttgctctcgtcttgctccactctctgcacta  3780
Qy  3781  CCTCTTCATGGTGGCCTTCAGAGCAGCAGGACCTTGCTCTTCGTTCTTGAAGCTTGGGCTA  3840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3781  cctcttcatgggtgcctcagcagcaggacctgtcttccttgttgaagcttgggcta  3840
Qy  3841  CGTTGGATGACCAGCTGTTCGTGTTCTCATGATCATGATGATGAGTCATGAGCCCGTGGAGCCCCGAAC  3900
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3841  cgttggatgaccagccagctgctcgttctcatgatgatgagtcatgagccccgaac  3900
Qy  3901  TCCATGGGTTCCAGTAGAATTCAAGCCAGATGTGGCTCAAGCTGTGCGACTCGAGTCTGAA  3960
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3901  tccatgggtttccagtagaattcaagccagatgtggctgagtcagctgagtcagagtctgaa  3960
Qy  3961  AGGTGGGATCACATGTTCACTGTGACTTCTGCGACTATTATGGAAAATCACAACCACAG  4020
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3961  aggggtgggatcacatgttcactgtgacttctggacttctatatggaaaatcacaaccacag  4020
Qy  4021  CAAGGGTATGTGGAGAGGGGGCCTCACCTTCCTGAGGTTGTCAGAGCTTTGTCATCTTTTC  4080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4021  caagggtatgtggagaggggcccacccctccttgaggttgtcaggtgtcatcctg  4080
Qy  4081  ATGCATCTTGAAGGAAACAGCTCGGAAGTCTGAGGTCTGGGGAGGTCTTGTGTGGGAGGAGGAAG  4140
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4081  atgcatcttgaaggaaacagctggaagtctgaggtctgggggcaggtcttgtgtgggaggaggaaag  4140
Qy  4141  GAATTTGCTTCCTGAGATCATTTGTCCTGGGATGGTGGAATAGGGACCTATTCCTT  4200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4141  gaatttgcttcctgagatcattggtcctgggatggtggaatagggaccattcctt  4200
Qy  4201  TGGTTGCAGTTAACCAAGCTGGGGATTTTCCAGAGTCCCACACCCTGCAGTGTCATCCTG  4260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4201  tggttgcagttaacaaggctggggatttttccagagttgtccacaccctgcaggtcatcctg  4260
Qy  4261  GGCTGTGAAATGCAAGAAGAGAAGAACAGTAGCAGCGAGGGCTACTGGAAGTACGGGTATGATGGG  4320
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4261  ggctgtgaaatgcaagaagaagacaacagtagcagtgaaggctactggaagtacgggtacggggtgatggg  4320
Qy  4321  CAGGACCACCTTGAATTCTGCCCCTGACACTGATTGGAGAGCAGCAGCAGCCAGGGCC  4380
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4321  caggaccaccttgaattctgccccctgaattctgaccacctgacactgatggagagcagcagcagcccagggcc  4380
Qy  4381  TGGCCCACCAAGCTGGAGTTGGGAAAGGCACAAGATTCCGGCGCCAGGCAGCAGAGGGCTAC  4440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4381  tggcccaccaagctggagttgggaaaggcacaagattcggcgccaggcagcagaggcctac  4440
Qy  4441  CTGGAGAGGGGACTGCCCCTGCCACAGCTGCTGGAGGCGCTGGGGAGGTGTTTTG  4500
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4441  ctggagagggggactggactgcgccctgcacagctgcagcagctgcggggagggagggtgtttg  4500
Qy  4501  GACCAACAAGGTATGTGGGAGAACAACTCCTGCCCCTATACTCTAGTGGCAGAGTGGAGG  4560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4501  gaccaacaaggtatggtggaacacctccccctatactctagtggtggcagaggtggagg  4560
Qy  4561  AGGTTGCAGGGCACGGAATCCCTGGTTGGAGTTTCAGAGTTTCAGAGTTGGAGGCTGTGTGCCTC  4620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4561  aggttgcaggcagccacaagtcatgggttcatttcattctctcctccatgtggtcaaagggaa  4620
Qy  4621  TCCAAATTCTGGGAAGGGGACTTTCTCAATCCTAGAGTCCTAGCCTTATAATTGAGATGTA  4680
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4621  tccaaattctgggaaggggacttctccaatcctagagtcctacctttataattgagatgta  4680
Qy  4681  TGAGACAGCCACAAGTCATGGGTTCATGGGTTAATTTCTTTCTCTCCATGCATGGCTCAAAGGGAA  4740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4681  tgagacagccacaagtcatggggtttaatttaattctttctcctccatggctcaaagggga  4740
Qy  4741  GTGTCTATGGCCCTTGCTTTTATTTAATTTAACCAATAATCTTTGTATATTTATACCTGTTAA  4800
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4741  gtgtctatgtgccctgcttttattttaacaataatctttgtatattttatacctgttaa  4800
Qy  4801  AAATTCAGAAATGTCAAGGCCGGGCACGGTGGCTCACCCCTGTAATCCCAGCACTTGGG  4860
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4801  aaatcagaaatgtcaaggccgggcacggtggctcacccacctgtaatcccagcacttggg  4860
```

```
Qy  4861 AGGCCAGGCGCGGTGGCTCACAAGGTCAGGAGTTCAGAGACCAGCCTGACCAACATGGTGAA 4920
         ||||| ||| |||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||
Db  4861 aggccgagcgggtggctcacaaggtcaggagttcaagaccagcctgaccaacatggtgaa 4920

Qy  4921 ACCCGTCTCTAAAAAATACAAAAATTAGCTGGGTCACAGTCATGCGCACCTGTAGTCCCA 4980
         ||| |||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4921 accgtctctaaaaaaatacaaaaatatagctggtcacagtcatgcgcacctgtagtccca 4980

Qy  4981 GCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGAGGATCCATCCGTGAACCTGGGAAGCGGAAGTTGCACTGA 5040
         |||||||||||||||||||||||||| ||| |||||||||||||||||||||||||||||
Db  4981 gctaattggaaggctgaggcaggagcatcgtgaacctgggaagcggaagttgcactga 5040

Qy  5041 GCCAAGATCGCGCCCACTGCACTCCAGCCTGGGCACGCAGAGTGAGACTCCATCTTAAAAAA 5100
         |||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||
Db  5041 gccaagatcgcgccactgcactccagcctgggcacgcagagtgagactgagactccatctcttaaaaaa 5100

Qy  5101 AAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAGAATTCAGAGATCTCAGCTATCATATGAATACCAGGACAA 5160
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5101 aaaaaaaaaaaaaaaaaaagagaattcagagatctcagctatcatatgaataccaggacaaa 5160

Qy  5161 ATATCAAGTGAGGCCACTTATCAGAGTAGAAGAATCCTTTAGGTTAAAAGTTTCTTTCAT 5220
         |||||||||||| |||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5161 atatcaagtgaggccacttatcagagtagaagaatccttttaggttaaaagtttctttcat 5220

Qy  5221 AGAACTATAGCAATAATCACTGAAGTACCTATCTTACAGTCCGCTTCTTATAAACAATGC 5280
         |||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5221 agaacatagcaataatcactgaagtaccctatctttcttacagtccgcttcttatataacaatgc 5280

Qy  5281 CTCCTAGGTTGACCCAGGTGAAACTGTATTCCAATCATTTCAATGCACATAA 5340
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5281 ctcctaggttgacccaggtgaaactgtattccaatcattttcaatgcacataa 5340

Qy  5341 AGGGCAATTTTATCTATCAGAACAAGACAAGATGGTAACACTGTGTTAGAGTCCAATCTTAGG 5400
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||
Db  5341 agggcaattttatctatcagaacaagacaaagatggtaacactgtgttagagtccaatccttagg 5400

Qy  5401 AGGAGAACAAGCTGATCTGACTGCTCCTCCCAGGTCTCTCCAAGTGACACTGTGTAGAGTGTG 5460
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5401 aggagaacaagctgatctgactgctcctccctcctcgcagtgttgttctgaaaaggtattttcttcttcc 5460

Qy  5461 ACACAAAAATGTGTCTCTCTAGCTGTCGTTTTTCTGAAAAGGGTATTTCCTTCCTCC 5520
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5461 acacaaaaatggtgtctctctacggtgtcggggcctagctagctgagtctagaatcttagg 5520

Qy  5521 AACCTATAGAAGGAAGTGAAAGTTCCAGTCTTCCGTCGCAAGGGTAAACAGATCCCCTCTC 5580
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5521 aacctatagaaggaagtgaaagttccagtcttccgtcgcaagggtaaacagatccccctctc 5580

Qy  5581 CTCATCCTTCCTCTTTCCTGTCAAGTTGCCTCCTTGTCAGGTGCACACATCATGTGACC 5640
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5581 ctcatccttcctcttttcctgtcaagttgcctccttggtcaggtgcacacatcatgtgacc 5640

Qy  5641 TCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGGGCCTTACCCCCAGAACACATCACCATG 5700
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5641 tcttcagtgaccactctacggtgtcgggcctttgaactactaccccccagaacaccaccatg 5700

Qy  5701 AAGTGGCTGAAGGAGATAAGCAGCAGCCAATGGATGGCAAGGTTCGAACCTAAAGACGTATTG 5760
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5701 aagtggctgaaggaggataagcagccagtcgaaacctaaagacgtattg 5760

Qy  5761 CCCAATGGGATGGGACCTACCAGGCTGGATAACCTTGGTGAAGGTGACACATCATGTGACC 5820
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5761 cccaatggggatggggatggggctggatacctgaaggtcattgaaggtgctgaaggttatgtg 5820

Qy  5821 CAGAGATATACGTACCAGGTGGAGCACCCAGGCCCCCTCATTGTGATCTGG 5880
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5821 cagagatatacgtaccaggtggagcaccccgatcagcccctcattgtgatctgg 5880

Qy  5881 GGTATGTGACTGATGAGCAGCCAGGAGCTGAGAAATCTATTGGGGGTTGAGGAGTGCC 5940
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5881 ggtatgtgactgatgagcagccaggagctgagagggttgagaggagtgcc 5940
```

```
Qy  5941 TGAGGAGTAATTATGGCAGTGAGATGAGATGATCTGCTCTCTTTGTTAGGGGTGGGCTGAGG 6000
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5941 tgaggagtaattatggcagtgagatgagatggtatctgctccttgtccttggtagggggtgggggctgagg 6000

Qy  6001 GTGGCAATCAAAGGCTTTAACTGCTTTTCGTTTTGCGTCATCTTGTTCATTGGAATTT 6060
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6001 gtggcaatcaaaggccttaactgcttttcgtttctgtttcatcttggttcattggaattt 6060

Qy  6061 TAGTCATTGGAGTCATCAGTCGAATTGCTGTGTTTTGTCGCATCTTGTTCATTGGAATTT 6120
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6061 tagtcattggagtcattcattggagtcattcattggaattg 6120

Qy  6121 TGTTCATTATAATTAAGGAAGAGGGCAGCAGGTTCAAGTGAGTGAGTAGGAGGAAGTCTCT 6180
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6121 tgttcattatattaaggaagaggcaggttcaagtgagtgagtaggaggagaagtctct 6180

Qy  6181 TAGTACCTCTGCCCCAGGCACAGTGGGAAGAGGGCAGAGGGGATCTGGCATCCATGGG 6240
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6181 tagtacccctgcccccaggccacagtgggaggaggggcagaggggatctggcatccatggg 6240

Qy  6241 AAGCATTTTCTCATTATATTCTTGGGCACCAGCAGTCCCTGGGAGACAGAAAAT 6300
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6241 aagcatttttctcattatattcttgggcaccagcagtccctgggagagacgaaaat 6300

Qy  6301 AATGGTTCTCCCAGAATGAGAAAGTCTCTAAATCACAACAAACATCTTCAGAGCACCTACTAT 6360
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6301 aatggttctcccagaatgagaaagtcctcaatcaacaaacatcttcagagcacctactat 6360

Qy  6361 TTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTAGTAGCAGGGGCTTTGAGGTTGAGGTTGATCACTGTGGCTAT 6420
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6361 tttgcaagagctgtttaaggtagtagtacaggggcctttgaggttgagttgatcactgtggctat 6420

Qy  6421 TCTCAGAACCCAAATCTGGTCCTAAAGCAGGCAGGCAGGAAGCAGCAAATGCTTAGGGTGTCAAAGGAAAGAATG 6480
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6421 tctcagaacccaaatctggtcctaaagcaggcaggcaggaagcaaatcttaggtgtcaaaggaaagaatg 6480

Qy  6481 ACCCCATGAGGTCCTAAAGCAGCAGGCAGCAGAAGCAAATGCTTAGGGTGTCAAAGGAAAGAATG 6540
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6481 accccatgaggtcctaaagcaggcaggcaggcaagcaaatgcttaggtgtcaaaggaaagaatg 6540

Qy  6541 ATCACATTCAGCTGGGATGTGGGAGCTCCTTCGCGATCTTGGATCTTGACTCTCGAAGGAAGCTGGATTCCA 6600
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6541 atcacattcagctgggggatcgggggatcctcaagatagccttctggatctctggatctcggatccaa 6600

Qy  6601 TTAGGTGAGGTTGAAGATGATGGGAGTCTACACAGAGGAGCAACCATGCCAAGTAGGA 6660
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6601 ttaggtgaggttgaaggatgatggggagtctacacagagcaaccatgccaagtagga 6660

Qy  6661 GAGTAAGGCATACTGGGAGATTAGAAAATAATTACTGTACCTTAACCCTGAGTTTGCGT 6720
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6661 gagtaaggcatactggggggagattagaaaaatggaataattactgtacccttaacccctgagtttgcgt 6720

Qy  6721 AGCTACTACCACCAATTATGCATTTCTACCCCCTGAACATCGTGTGTAGGGAAAAGA 6780
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6721 agctactcaccaattatgcatttctaccccctgaacatcgtgttgtggtagggggaaagaa 6780

Qy  6781 GAATCAGAAAGAGCAGCTCATACAGAGGTCTTTTGGGATAATTGGGTTATGA 6840
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6781 gaatcagaaaagagcaggtccatacacagagtctttttggggatattgggttatga 6840

Qy  6841 TCACTGGGGTGTTCATTGAAGGATCCTGAAGGAGGAGGAGGAGGACCACGACGATCCTCCCTTATATGGTG 6900
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6841 tcactgggtggttcattgaaggatcctgaaggaaaggaggaggacccagcaacgatccccctatatggtg 6900

Qy  6901 AATCTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGAGGTGAGGAGACCAGTTAGAAAGCCAATAAGCAT 6960
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6901 aatgtgttgttaagaagttagatgagatgagaggtgaggagaggtgaggaccaataagcat 6960

Qy  6961 TTCCAGATGAGACATAATGGTTCTTGAAATCCAGGTCTAAATTGAGATGG 7020
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6961 ttccagatgagagataatggtgtcttgaaatccaaatccaatgtgagatgg 7020

Qy  7021 GTGAATGAGGAAAATAAGGAGAGAAGAGGAAGATGGTGCCTAGGTTTGTGATGCCT 7080
```

us-09-497-957-3.rng

```
Db  7021  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||  7080
Qy        gtgatgaggaaaataaggagagaggaggaagaggcaagatggtgcctaggtggtttgtgatgcct  7080

Qy  7081  CTTTCCTGGTCTCTTGTCTCCACGAGGAGCCATGGGCACTACGTCTTAGCTGAACG  7140
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7081  cttcctgggtctcttgtctcccacgaggagccatgggcactacgtcttagctgaacg  7140

Qy  7141  TGAGTGACACGCAGCCTGCAGACTCACTGTGGGAAGGAGACAAAAACTAGAGACTCAAAGA  7200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7141  tgagtgacacgcagcctgcagactcactgtgggaaggagacaaaaactagagactcaaaga  7200

Db  7201  GGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCATGTTTCAGGAGGAGTTGAACCTAAACATAGAAATT  7260
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  7201  gggagtgcatttatgagctcttcatgtttcaggaggagttgaacctaaacatagaaatt  7260

Qy  7261  GCCTGACGAACTCCTTGATTTTAGCCTTCTCGTTCATTTCCTCAAAAAGATTTCCCCAT  7320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7261  gcctgacgaactccttgatttttagcctctctctgttcatttcctcaaaaagatttccccat  7320

Qy  7321  TTAGGTTTCTGAGTTCCTGCATGCCGGTGATCCTCAGCTGTGACCTCTCCCCTGGAACTG  7380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7321  ttaggtttctgagttcctgcatgccgggtgatccccagctgtgacctctcccccctggaactg  7380

Db  7381  TCTCCATGAACCTCAAGCTGCATCTAGAGGCTTCCTCCATTTCCTCCTCCGTCACCTCAGAG  7440
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  7381  tctccatgaacctcaagctgcatctagaggcttcctccattttcctcctccgtcacctcagag  7440

Qy  7441  ACATACACCTATGTCATTTCATTTCCTATTTTGGAAGACGACTCCTAAATTTGGGGA  7500
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7441  acatacacctatgtcatttcatttccattttcctattttggaagacgactcctaaatttggggga  7500

Qy  7501  CTTACATGATTCATTTTAACATCTGAGAAAAGCTTGAACCCTGGGACGTGGCTAGTCAT  7560
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7501  cttacatgattcatttttaacatctgagaaaaagcttgaaccctgggacgtggctagtcat  7560

Db  7561  AACCTTACCAGATTTTTACACATGTATCTATGCATTTCTGGACCCGTTCAACTTTTCCT  7620
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  7561  aaccttaccagatttttacacatgtatctatgcatttctggacccgttcaactttttcct  7620

Qy  7621  TTGAATCCTCTCTCTGTGTTACCCAGTAACTCATCTGCCACCAAGCCTTGGGATTCTTC  7680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7621  ttgaatcctctctctgtgttacccagtaactcatctcaccaagccttgggattcttc  7680

Qy  7681  CATCTGATTGTGATGTGAGTGCACAGCTGTACACTGCACGAATGGAAGAG  7740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7681  catctgattgtgatgtgagtgcacagctgtacactgcacgaatggaagag  7740

Qy  7741  GCACCTGTCCCCAGAAAAAGCATCATGCGTATCTGTGGGTAGTATGATGGGGTGTTTTTAGC  7800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7741  gcacctgtccccagaaaaaagcatcatgcgtatctgtgggtagtatgatgggtgttttttagc  7800

Db  7801  AGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGGTTGTTTTTTCTAATTGGCATGA  7860
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  7801  agtaggaggcaaatatcttgaaaggggttgttgaagaggtgtttttctaattggcatga  7860

Db  7861  AGGTGTCATACAGATTTGCAAAGTTTAATGGTGCCCTTCATTTGGATGCTACTCTAGTAT  7920
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  7861  aggtgtcatacagatttgcaaagtttaatggtgccctctctgttctgatactcctagtat  7920

Qy  7921  TCCAGACCTGAAGAATCACAATAATTTCTACCTGGTCTCTCCTGTTCTGATAATGAAA  7980
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7921  tccagacctgaagaatcacaatcacaataatttctacctggatgctactccagtat  7980

Db  7981  ATTATGATAAGGATGATAAAAGCACTTACTTCGTGTCCGACTTACTTCCGTCCGACTTACCTACTTA  8040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  7981  attatgataaggatgataaaagcacttacttcgtgtccgacttcctgacgcctacctacctactta  8040

Db  8041  CATGCAATGCTCCATGCACTTCTTACACTCTTACGATAGTACTATTATCCCCAT  8100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  8041  catgcaatcctgtaacctgcctcccaggtcaagcgattctcctgtctcagcctcccat  8100

Qy  8101  TTCTTTTAAATGAAGAAGTGAAGTAGGCCGGGACCATCCTGGCC  8160
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db  8101  tcttttttaaatgaagaaagtgaagtaggccggggcacggtggctcacgcctgtaatccc  8160

Qy  8161  AGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGGTGGATCAGGCTGAGGTCAGGAGTTCGAGACCATCCTGGC  8220
          |||||||||| ||||   |||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||
Db  8161  agcacttggggaggccgaaggggtggatcaggctgaggtcaggagttcgagaccatcctggc  8220

Qy  8221  TAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGCGCAG  8280
          |||||||||||||||||||||||||||  |||||||||  |||||||||||||||||||||
Db  8221  taacatggtgaaaccccatctctaataaaaaatacaaaaaattagctggtggcggtggcag  8280

Db  8281  ACGGCCTAGTCCCAGCTACTCGGAAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCATGAACCCAGGAGG  8340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  8281  acgcctagtcccagctactcggaaggctgaggcaggagaatggcatgaacccaggagg  8340

Qy  8341  CAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTCGCCACTGCACTCCAGCCTGGGCGACAGAGTGAGA  8400
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8341  cagagcttgcagtgagccgagatcacgccactgcactccagcctgggcgacagagtgaga  8400

Qy  8401  CTCCATCTCAAAAAATAAAAATAAAAATGAAAAAAAAGAAAGAAAGTGAAGTA  8460
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8401  ctccatctcaaaaaataaaaataaaaatgaaaaaatgaaaaagaaagaaagtgaagta  8460

Qy  8461  TAGAGTATCTCATAGTTTGTCAGTAGTAGAAACAGGTTTAGCATGCTTAGATCGTTCAAACTCAGTCAACTCGACCG  8520
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8461  tagagtatctcatagtttgtcagtgatagatgatgatagaaacaggtttagcatgctttagatgcctagaaataagaaa  8520

Qy  8521  TTTGATACATCTCAGACACACTACATTCAGTAGTTCAGTGTTTCTCTGAGTGAGTTGAATCACAT  8580
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8521  tttgatacatctcagacacactacattcagtagtttagtgatgcctagaaataaataagaaa  8580

Db  8581  GGAAGGAGATGGCTCTTCTCTCTGAATGTGACTCCCTGCTCCCTGTTCCTCTCTTGCTTGGCATTCA  8640
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  8581  ggaaggagacgagcagcagaaaaacaacaactgatccccagctgtccctgtcctgcttcctcttggcattcat  8640

Db  8641  GAAGGGGAACAGCAGAAAAACAACCAACTGATCCCAGCGTCGTCATGTTTCCTTTAAAAGTC  8700
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  8641  gaaggggaacgagcagcagaaaaacaacaactgatccccagctgtccctgtcctttccttttaaaagtc  8700

Qy  8701  CCTGAAGGAAGCTCCTGAAATGTGACTCCCTGCTCCCTGTTCCTCTCTTGCTTGGCATTCA  8760
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8701  cctgaaggaaggtcctgaatgtgactcccttgctgctcctgcttgctcttctttggcattca  8760

Db  8761  TTTCTTGGACCCTACGCAAGGACTGTAATTGGTGGGACAGCTGGTGGGACAGTGGCCCTGGGC  8820
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  8761  tttcttggacctcacgcaaggactgtaattggtgggcagcagtagtggccctggggc  8820

Qy  8821  TTCACACACGGTGTCCCTCCCTAGGCCAGTGCCTCTGAGCTCAGAACTCTGGTGGTATTTC  8880
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8821  ttcacacacggtgtccctccctaggccagtgcctctggagtcagaactcggtggtattc  8880

Db  8881  CCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCATTTTGAGATGTATAATGGCCACCAAGTG  8940
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  8881  cctcaatgaagtggagtaagctctcatttttgagctgtataatggagccaccaagtg  8940

Qy  8941  GCTTAGAGGATGCCCAGTCCTCCAGGAATTGCTAGATTCGGAGAATCAGTTCACCATGTTCA  9000
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8941  gcttagaggatgcccagtcctccaggaattgctagattcggagaatcagttcaccatttaaaaa  9000

Qy  9001  AAAATCTAACCAGGACATTCAGGAAGTTCGTGGGAAATCACTTCACCATGTTCA  9060
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9001  aaaatctaaccaggacattcaggaagttctgggaaatcactttcaccatgttca  9060

Qy  9061  CTCGGCGCCACTGTAACCTCGTCCGACTTCCTCCAGGTTCAAGCGATTCTCCTGCCTCAGCCTCCCA  9120
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9061  ctcggcgccactgtaacctcgtccgacttcctccaggttcaagcgattctcctgcctcagcctcccta  9120

Qy  9121  AGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCACCATGCCCGGCTAATTTTTGTATTTTTAGTAGA  9180
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9121  agtagctgggattacaggcgtgcaccaccaccatgcccggctaattttgtattttttagtaga  9180
```

Qy 9241 GACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCCTGACCTCGGTCCGCC 9300
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 9241 gacagggtttcaccatgttggccaggctggtctcgaactcctgacctcgatccgcc 9300

Qy 9301 TGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGTGTGCAGCCACCCTGCCCACCGTCAAA 9360
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 9301 tgcctcggcctcccaaagtgctgagattacagtgtgcagccaccctgcccaccgtcaaa 9360

Qy 9361 AGAGTCTTAATATATAATATCCAGATGCCATGTGTTTACTTTATGTTACTACATGCACTTG 9420
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 9361 agagtcttaatatatatatccagatgccatgtgtttactttatgttactacatgcacttg 9420

Qy 9421 GCTGCATAAATGTGGTACAAGCATTCTGTCTTGAAGGGCAGGTGCTTCAGGATACCCATAT 9480
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 9421 gctgcataaatgtggtacaagcattctgtcttgaagggcaggtgcttcaggataccatat 9480

Qy 9481 ACAGCTCAGAAGTTTCTTCTTCTTTGTGGTTAGAAAAGTATATGTAGAAAAAAGTAAATGTGATTT 9540
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 9481 acagctcagaagtttcttcttcttagcaaagatatctcatctcttctt 9540

Qy 9541 TTAAACCATTTCTTTTTTTTGTGGTTAGAAAGTATATGTAGAAAAAAGTAAATGTGATTT 9600
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 9541 ttaaaccatttctctttttgtggttagaaaagtatgtagaaaaaagtaaatgtgattt 9600

Qy 9601 ACGCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAATGAATACAAATTAAAGCTGTTATTTAATTAGCCAG 9660
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 9601 acgctcattgtagaaaagctataaaatgaatacaaattaaagctgttatttaattagccag 9660

Qy 9661 TGAAAAACTATTAACAACTTGTCTATTACCTGTTAGTATTATTGTTGCATTAAAAATGCA 9720
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 9661 tgaaaaactattaacaacttgtctattacctgttagtattattgttgcattaaaaatgca 9720

Qy 9721 TATACTTTAATAAATGTATATTGTATTGTATACTGCATGATTTTATTGAAGTTCTTGTTC 9780
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 9721 tatactttaataaatgtatattgtattgtatactgcatgattttattgaagttcttgttc 9780

Qy 9781 ATCTTGTGTATATACTTAATCCGCTTTGTCATTTTGGAGACATTTATTTTGCTTCTAATTT 9840
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 9781 atcttgtgtatatacttaatcgcttgtcatttgtcattttggagacatttattttgcttctaattt 9840

Qy 9841 CTTTACATTTTGTCTTACGGAATATTTTCATTCAACTGTGGTAGCCGAATTAATCGTGTT 9900
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 9841 ctttacattttgtcttacggaatatttcattcaactgtggtagccgaattaatcgtgtt 9900

Qy 9901 TCTTCACTCTAGGGACACATTGTCGTCTAAGTGTGAAGACATTGGTTATTTTACCAGCAAAC 9960
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 9901 tcttcactctagggacattgtcgtctaagtgtaagacattggtttatttaccagcaaac 9960

Qy 9961 CATTCTGAAAGCATATGACAAATTATTTCTCTTCTAATATCTTAATATCTTACTACTGAAAGCAGA 10020
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 9961 cattctgaaagcatatgacaaatttattctctcctctaatatcttaatatctgaaagcaga 10020

Qy 10021 CTGCTATAAGGCTTCACTTACTCTCTACCTTCATAAGGAATATGTTACAATTAATTTATT 10080
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 10021 ctgctataaggcttcacttactctctacctcataaggaatatgttacaattaattttatt 10080

Qy 10081 AGGTAGCATTTGTTTTGTTATATTGGTTTATTTCACCTGGGCTGAGATTTCAAGAAACACC 10140
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 10081 aggtaagcatttgtttttgtttatattggtttatttcacctgggctgagatttcaagaaacacc 10140

Qy 10141 CCAAGTCTTCACAGTAACAACATTCACTAACACATTTACTAAACATCAGCAACTGTGGCCT 10200
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 10141 ccagtcttcacagtaacacatttcactaacacatttactaaacatcagcaactgtggcct 10200

Qy 10201 GTTAATTTTTTAAATGAGAATTTTAAGTCCTCATTTTCGGTGTTTTTTAAGCTTAA 10260
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 10201 gttaatttttttaatagaaatttaagtcctcattttcggtgttttttaagcttaa 10260

Qy 10261 TTTTTCTGGCTTTATTCATAAATTCTTAAGGTCAACTACATTTGAAAAATCAAAGACCTG 10320
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 10261 ttttctggctttattcataaattcttaaggtcaactacatttgaaaaatcaaagacctg 10320

Qy 10321 CATTTTAAATTCTTATTCACCTCTGGCAAAACCATTCACAAACCATTGTAGTAAAGAGAA 10380
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 10321 catttttaaattcttattcacctctggcaaaaccattcacaaaccattgtagtaaagagaa 10380

Qy 10381 GGGTGACACCTGGTGCCATAGGTAAATGTACCACGGTGGTCCGGTGACCAGAGATGCAG 10440
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 10381 gggtgacacctggtgccataggtaaatgtaccacggtggtccggtgaccagagatgcag 10440

Qy 10441 CGCTGAGGGTTTCCTGAAGGTAAAGGAATAAAGAATGGGGTGGAGGGGGCGTGCACTGGAA 10500
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 10441 cgctgagggtttcctgaaggtaaaggaataaagaatggggtggaggggctgcactggaa 10500

Qy 10501 ATCACTTGTAGAGAAAAGCCCCTGAAAATTGAGAAACAACAAGAAAACTACTTACCAG 10560
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 10501 atcacttgtagagaaaagcccctgaaaattgagaaacaacaagaaaactacttaccag 10560

Qy 10561 CTATTTGAATTGCTGAAATCACAGGCCATTGCTGAGCTGCCTGACCTGGGACACAACAG 10620
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 10561 ctatttgaattgctgaatcacaggccattgctgagctgcctgacctgggacacaacag 10620

Qy 10621 AAGGAAACAAACCACTCTGATAATCATTCATTGATAATCATTAATAATGTCATCTTATAATACTGC 10680
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 10621 aaggaaaacaaaccactctgataatcattgataatcattaataatgtcatcttataatactgc 10680

Qy 10681 TGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTTATGTGTTATTATAATAATGTCATCTTATAATACTGT 10740
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 10681 tgagaggtacaggccaaaattcttatgtgttattataatgtcatcttatatactgt 10740

Qy 10741 CAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTCACACATTTAAAAACAAAAACACTGTCTC 10800
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 10741 cagtatttttataaaacattcttcacaaactcacacatttaaaaacaaaaacactgtctc 10800

Qy 10801 TAAAATCCCCAAATTTTCATAAAC 10825
||||||||||||||||||||||||
Db 10801 taaaatccccaaattttcataaac 10825

RESULT   4
AAC68427
ID   AAC68427 standard; DNA; 10825 BP.
XX
AC   AAC68427;
XX
DT   21-FEB-2001 (first entry)
XX
DE   Human hereditary hemochromatosis 24d2 mutation DNA.
XX
KW   HH; hereditary hemochromatosis; chelation agent;
KW   T-cell differentiation factor; iron overload; ds.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
PN   US6140305-A.
XX
PD   31-OCT-2000.
XX
PF   04-APR-1997;   97US-0834497.
XX
PR   04-APR-1996;   96US-0630912.
PR   16-APR-1996;   96US-0632673.
PR   23-MAY-1996;   96US-0652265.
XX
PA   (BIRA) BIO-RAD LAB INC.
XX
PI   Thomas WJ, Drayna DT, Gnirke A, Ruddy D, Tsuchihashi Z, Wolff RK;
PI   Feder JN;
XX
DR   WPI; 2001-006341/01.
DR   P-PSDB; AAB36871.
XX
PT   New hereditary hemochromatosis gene products or polypeptides, useful
PT   for treating hereditary hemochromatosis in a patient, and as a metal
PT   chelation agent alleviating iron overload -

```
XX
PS  Disclosure; Fig 3; 108pp; English.
XX
CC  The present invention relates to hereditary hemochromatosis gene
CC  products. These proteins may be used to treat a patient diagnosed as
CC  having human hemochromatosis disease. It is also useful as a metal
CC  chelation agent or as a T-cell differentiation factor, and for
CC  alleviating iron overload. They may also be used in protein replacement
CC  therapy for individuals having a defective human hemochromatosis gene.
XX
SQ  Sequence 10825 BP; 2998 A; 2252 C; 2649 G; 2926 T; 0 other;

Query Match     100.0%;    Score 10821.8;    DB 22;    Length 10825;
Best Local Similarity  100.0%;    Pred. No. 0;
Matches 10823;    Conservative  0;    Mismatches  0;    Indels  2;    Gaps  0;
```

```
Qy    1  TCTAAGGTTGCAGATAAAATTTTTAAATGTATGATTGAATTTGAAAATCATAAATATTTA    60
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1  tctaaggttgcagataaaattttttaaatgtatgattgaatttgaaaatcataaatatttta   60

Qy   61  AATATCTAAAGTTCAGATACGAACATTGCGAAGCTACTTCCCCAATCAACACACACCCCT   120
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   61  aatatctaaagttcagatacgaacattgcgaagctacttcccccaatcaacacacacccct  120

Qy  121  TCAGGATTTAAAAACCAAGGGGACACTGGATCACCTAGTGTTTCACAAGCAGTACCTT    180
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  121  tcaggatttaaaaaccaaggggacactggatcacctagtgtttcacaagcagtaccttt   180

Qy  181  CTGCTGTAGGAGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTTGCTTTTCACCAGGAAGTT    240
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  181  ctgctgtaggagagagaactaaagttctgaaagacctgttgcttttcaccaggaagtt    240

Qy  241  TTACTGGGCATCCTGAGCCTAGGCAATAGCTGTAGGGTGACTTCTGGAGCCATCCCCG    300
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  241  ttactgggcatcctgagcctaggcaatagctgtagggtgacttctggagccatccccg    300

Qy  301  TTTCCCCGCCCCCCAAAAGAAGAGCGGAGATTTAACGGGGACGTGCGCGGCCCAGAGTCTGGGGAA   360
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  301  tttcccccgccccccaaaagaagagcggagatttaacggggacgtgcgcggcccagagtctggggaa   360

Qy  361  ATGGGGCCCGCCAAGCCCCCCTCCTACTTCTCGCTCCTCCTGATGCTTTTGCAGACCCGTGAGGGAGTGC   420
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  361  atgggcccgccaagcccccctcctacttctcgcttcctcctgatgctttttgcagaccgtgagggagtgc   420

Qy  421  CAGGGGCGCTTGCTGCGTGAGTCCGAGGGCTGCGCGGCGAACTAGGGGCGCCGCGGCGGGGGTG   480
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  421  caggggcgcttgctgcgtgagtccgaggggctgcgcggcgaactagggggcgccgcggcgggggtg   480

Qy  481  GAAAATCGAAACTAGCTTTTTCTTTCCGGCTTGGGAGTTTGCTAACTTTGGAGGACCTGC    540
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  481  gaaaatcgaaactagcttttctttccggcttggggagtttgctaacttggaggacctgc    540

Qy  541  TCAACCCTATCCGCAAGCCCCTCCTACTTCTCGCGCTCCTCCTTGCGCTCCGCAGACCCCGTGAGGGAGTGC   600
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  541  tcaaccctatccgcaagcccgctccttcttctcgcgctcctcctttgcgctccgcagaccccgtgagggagtgc   600

Qy  601  CTACCACTGAACTGCAGATAGGGGTGCCTGCCACCGCCCCAGGACCGCCGCCCTCCCCCGGCTGT   660
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  601  ctaccactgaactgcagatagggggtcctgccaccgccccaggaccgccgccctcccccggctgt   660

Qy  661  CCCGGCTCTGCGGAGTGACTTTGGAACCGCCACTCCCCACTCCCTGGGGGTCCTTGAAACCTGG    720
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  661  cccggctctgcggagtgactttggaaccgccactccccactccctggggggtccttgaaacctgg    720

Qy  721  TAAATAAATCCGTAGTTCCTCACTTGAGCTGACTGAGGTCTCTTCACCCTTGAACCTGG    780
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  721  taaataaatccgtagttcctcacttgagctgactgaggtctccttcctttgaacctgg    780

Qy  781  AACTCGGGTTTATTTCCAATGTCAGCTGTGTGCAGTTTTTCCCAGTCAATCTCCAAAACAGG   840
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  781  aactcgggtttatttccaatgtcagctgtgtgcagtttttcccagtcatctccaaaacagg    840
```

```
Qy  841  AAGTTCTTCCCTGAGTGCTTGCCGAGAAGGCTGAGCGAGAAACCCACAGCAGGATCCGCACGG    900
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  841  aagttcttccctgagtgcttgccgagaaggctgagcgagaaacccacagcaggatccgcacgg    900

Qy  901  GGTTCCACCTCAGAACGAATGCGTTGGGCGGTGGGGCGGCGCGAAAGAGTGGCGGTTGGGGA    960
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  901  ggttccacctcagaacgaatgcgttgggcggtggggcggcgcgaaagagtggcggttgggga    960

Qy  961  TCTGAATTCTTCACCATTCCACCCACCTTTGGTGAGACCTGGGGTGGGAGGTCTCTAGGGT   1020
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  961  tctgaattcttcaccattccacccacctttggtgagacctgggggtgggaggtctctagggt   1020

Qy 1021  GGGAGGCTCCTGAGAGAGGCCTACCTCGGGCCTTCCCCACTCTTGGCCAATTGTTCTTTT   1080
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 1021  gggaggctcctgagagaggcctacctcgggccttcccccactcttggcaatgttctttt   1080

Qy 1081  GCCTGGAAAATTAAGTATATGTTAGTTTGAACGTTTGAACTGAACAATTCTCTTTTCGG   1140
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 1081  gcctggaaaattaagtatatgttagtttgaactgttgaactgaacaattctctttttcgg   1140

Qy 1141  CTAGGCTTTATTGTGATTTGCAATGCTGCTGTAATTAAGAGGGCCTCTCACAAAGTACTGA   1200
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 1141  ctaggctttattgattttgcaatgctgctgtaattaaggaggccctctcccacaaagtactga   1200

Qy 1201  TAATGAACATGTAAGCAATGCACTCCACTTCTAAGTTACATTCATAATCTGATCTTATTTGA   1260
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 1201  taatgaacatgtaagcaatgcaccccacttctaagttacattcatatctgatctctatttga   1260

Qy 1261  TTTTCACTCAGGCATAGGGAGGTAGGAGCTAATAATAATACGTTTATTTTACTAGAAGTTAACT   1320
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 1261  tttttcactcaggcataggggaggtaggagctaataataatacgttttatttttactagaagttaact   1320

Qy 1321  GGAATTCAGATTATATAACTCTTTTCAGGTTACAAAGAACATAAATAATCTGTTTTCTG   1380
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 1321  ggaattcagattatataactctttttcaggttacaaagaacataaataatctggttttctg   1380

Qy 1381  ATGTTATTTCAAGTACTACCAGCTGCTTCTAAATCTTAGTTGACAGTGATTTTGCCCTTCATAGC...TAG   1440
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 1381  atgttattttcaagtactacagctgcttctcaatctctcagttgacagtgattttgccctgtag   1440

Qy 1441  TGTAGCACAGTGTTCGTGTGGTCACAGCCGCCTCAGCACAGCAGCACTTGAGTTTGGTA   1500
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 1441  tgtagcacagtgttctgtgggtcacagccgcctcagcacagcagcacttgagtttggta   1500

Qy 1501  CTACGTGTATCCACATTTTACACATGACAAGAATGAGGCATGGCACGGCCTGCTTCCTGG   1560
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 1501  ctacgtgtatccacattttacacatgacaagaatgaggcatggcacggcctgcttcctgg   1560

Qy 1561  CAAATTATTCAATGGTACACTGGGCTTGGTGGCAGAGCTCATGTCTCCACTTCATAGC   1620
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 1561  caaattattcaatggtacactgggcttggtggcagagctcatgtctcccacttcatagc   1620

Qy 1621  TATGATTCTTAAACATCACACTGCATTAGAGGTTGAATAATAAAATTCATGTTGAGACAG   1680
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 1621  tatgatttcttaaacatcacactgcattagaggttgaataataaaattcatgttgagacag   1680

Qy 1681  AAATATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGTCCCAGCATGTGTTGCACTGTTCAAGCCC   1740
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 1681  aaatattcattgtttacaagtgtaaatgagtcccagccatgtgttgcactgttcaagcccc   1740

Qy 1741  CAAGGGAGAGAGCAGGGAAAACAAGTCTTTACCCTTTGATATTTTCATTCTAGTGGGAGA   1800
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 1741  caagggagagagcagggaaacaagtctttaccctttgatatttgatttctagtgggaga   1800

Qy 1801  GATGACAATAAGCAAATGAGCAGAAAGATATACAACATCAGGAAATCATGGGTGTTGTGA   1860
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 1801  gatgacaataagcaaatgagcagaaaagatatacaacatcaggaaatcatgggtgttgtga   1860

Qy 1861  GAAGCAGAGAAGTCAGGGCAAGTCACTCTGGGGCTGACTTGAGCGAGACAATGAAGGA   1920
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 1861  gaagcagagaagtcagggcaagtcactctgggggctgacttgagcgagacaatgaagga   1920

Qy 1921  AATAAGAATGATATTGACTGGGACGGCAGTATTCCCAGGCAAACTGAGTGGGGCCTGGCAAG   1980
```

```
Db  1921  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||  1980
          aataagatgatattgactgactgggtgtgtattcccaggcaaactgagtgggcctggcaag 1980

Qy  1981  TTGGATTAAAAAGCGGGTTTCTCAGCACTACTCATGTGTGTGTGTGTGGGGGGGGGG    2040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||
Db  1981  ttggattaaaaagcgggtttctcagcactactcatgtgtgtgtgtgtggggggggggg  2040

Qy  2041  CGGCGTGGGGGTGGAAGGGGGACTACCATCTGCATCGTAGGATGTCTAGACAGTATCCTGT 2100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2041  cggcgtgggggtggaaggggggactaccatctgcatcgtaggatgtctagacagtatcctgt 2100

Qy  2101  CCTCCCACTCACTAGTGCTGTAGGAGCACTCCCCCAGTCTTGACAACCAAAAATGTCTCT 2160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2101  cctcccactcactagtgctgtaggagcactcccccagtcttgacaaccaaaaatgtctct 2160

Qy  2161  AAACTTTGCCACATGTCACCTAGTAGACAAACTCCTGGTTAAGAAGCTCGGGTTGAAAAA 2220
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2161  aaactttgccacatgtcacctagtagacaaactcctggttaagaagctcgggttgaaaaa 2220

Qy  2221  AATAAACAAGTAGTAGTGCTGGGGAGTAGAGGCCAAGAGTAATGGGCTCAGAAGAGGA 2280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2221  aataaacaagtagtagtgctggggagtagaggccaagagtaatgggctcagaagagga 2280

Qy  2281  GCCACAAACAAGGTTGTGCAGCGCCGCCTGAGGCTGTGGTGTGAATTCTAGCCAAGGAGTA 2340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2281  gccacaaacaaggttgtgcagcgccgcctgaggctgtggtgtgaattctagccaaggagta 2340

Qy  2341  ACAGTGATCTGTCACAGGCTTTAAAAGATTGCTCTGGCTGCTATGTGAGAAAGCAGAATG 2400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2341  acagtgatctgtcacaggctttaaaagattgctctggctgctatgtgagaaagcagaatg 2400

Qy  2401  AAGGGGACCAACAGTAAAAGCTAAAACAGGGAGCCCAGGAAGCTGTTACACAGTCCAGGCAAG 2460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2401  aaggggaccaacagtaaaagctaaaacagggagcccaggaagctgttacacagtccaggcaag 2460

Qy  2461  AGGTAGTGGAGTGGGCTGGGTGGGACAGAAAAGGGACTGACAAACCATTGTCTCCTGAA 2520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2461  aggtagtggagtgggctgggtgggacagaaaagggactgacaaaccattgtctcctgaa 2520

Qy  2521  TATATTCTGAAGGAGTGTGCTGAAGGATTGCTCTATGTTGTGTGAGAGAGAAGAATTGG 2580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2521  tatattctgaaggagtgtgctgaaggattgctctatgttgtgtgagagagaagaagattgg 2580

Qy  2581  CTGGGGTGTAGTAGCTGCCATGCATGCGGAGGAGGAGGCCAAGGAGCCGAATTCCTGAGTCCAGGA 2640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2581  ctgggggtgtagtagctgccatgccaaggaggaggaggccaaggagccagaattcctgagctccagga 2640

Qy  2641  GTTCAAGACCAGCCTGGGCAACAGCAAACCCTTCTCCTCTACAAAAATACAAAAAATTA 2700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2641  gttcaagaccagcctgggcaacagcaaacccgtctcctctacaaaaatacaaaaaatta 2700

Qy  2701  GCTGGGCGTGGTGGCATGCACCTGTGATCCTGAGCTACTCGGGAGGCTGAGGTGGAGGGTA 2760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2701  gctgggcgtggtggcatgcacctgtgatcctgagctactcggggaggctgaggtggaggggta 2760

Qy  2761  TTGCTTGAGCCCAGGAAGGTTGAGGCTGCCACTGCCCCACTGTCAGTCACTTCAGC 2820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2761  ttgcttgagcccaggaaggttgaggctgccagtcagtgacactgccactgtacttcagc 2820

Qy  2821  CTAGTGCACAGAGCCAAGACCCGTCTCCCCGACCCCTGAAAAAGAGAAGAGTTAAAGT 2880
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2821  ctagtggacagagccaagacccgtctccccgacccctgaaaaagagaagagtaaagt 2880

Qy  2881  TGACTTTGTCTTTATTTTAATTTTATTGGCCTGAGCAGTGGGGTAATTGGCAATGCCAT 2940
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2881  agggtgggatcacatgttcactgttgactattatggaaaatcacaaccacag 2940

Qy  2941  TTCTGAGATGTGAAGGCAGAGAAAAGACCAGTTGGGTAAATCAAGGATCTGCATTTG 3000
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2941  ttctgagatggtgaaggcagagaagagcagttgggtaaatcaaggatctgcatttg 3000

Qy  3001  GGACATGTTAAGTTTCGAGATTCCAAGTTGGTGAGGCCACATAGGCAGTT 3060
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3001  ggacatgttaagttgagattccagtcagcctccaagtgttgaggccacataggcagtt 3060
```

```
Qy  3061  CAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGCACGGTGGCTGGCTGGCTCCTCTAATCCCAGCACT 3120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3061  cagtgtaagaattcaggaccaaggctgggcacggtggctgggctggctcctctaatcccagcact 3120

Qy  3121  TTGGTGCTGAGGCAGTAGATCATTTGAGTCAGGAGTTTGAGACAAGCCTTGGCCAACA 3180
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3121  ttggtggctgaggcaggcagtagatcatttgaggtcaggagtttgagacaagcctggccaaca 3180

Qy  3181  TGGTGAAACCCCATGTCTACTAAAAATACAAAAATTAGCCTGGTGTGGTGGCGCACGCCT 3240
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3181  tggtgaaaccccatgtctactaaaaatacaaaaattagcctggtgtggtggcgcacgcct 3240

Qy  3241  ATAGTCCCAGTTTTCAGGAGGCTTAGGTAGGAGAATCCCTTGACCCAGGAGGTGCAGG 3300
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3241  atagtcccagtttttcaggaggcttaggtaggaggaatcccttgacccaggaggtgcagg 3300

Qy  3301  TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTCCAGCCTGCTGATGAGTGAGACTCTGT 3360
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3301  ttgcagtgagctgagattgtgccactccagcctgggtgatagagtgagactctgt 3360

Qy  3361  CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATTTGGG 3420
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3361  ctcaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaactgaaggaattattcctcaggatttggg 3420

Qy  3421  TCTAATTGCCCTGAGCACCAACTCCTGAGTCAACATGGCTAGACACACCTTAAC 3480
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3421  tctaattgccctgagcaccaactcctgagtcaacatggctagacacaccttaac 3480

Qy  3481  ATTTTCTAGAATCCACCAGCTTGAGTGGAGTCTGTCTAATCATGGAATAGGAT 3540
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3481  attttctagaatccaccagcttgagtggagtctgtctaatcatggaataggat 3540

Qy  3541  CTGGGGCAGTGAGGGGGTGGCAGCCACGTGTGGCAGAGAAAAGCACACAAGGAAAGAGC 3600
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3541  ctggggcagtgaggggggtgagggggtgcagccacgtgtgcagagaaaagcacacaaggaaagagc 3600

Qy  3601  ACCCAGGACTGTCATATGGACAGAAGAAGACACAGGACTGCAACTCACCCTTCACCAAAATGAGGA 3660
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3601  acccaggactgtcatatggacaggaagaagacacaggactgcaactcaccctcacaaaatgagga 3660

Qy  3661  CCAGACACAGCTGTTCGTTCCATCATGAGTGTATGCAGTGTGGAGCCTCAAACATCTGCTCCC 3720
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3661  ccagacacagctgttcgttcatgatcagttcaggtggagcctccaaacatcctgctccc 3720

Qy  3721  CTCCTACTACACATGTTAAGGCCTTAGGTTCTCCAGGTTCACACTCTCTGCCACTA 3780
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3721  ctcctactacacatgttaaggcctgttaaggccttgcctcgtccaggtcacacctctctgcctcacta 3780

Qy  3781  CCTCTTCATGGGGTGGCCTGCCTCAGACAGGCAGCCACCTGGTCTTCCTGTTGAAGCTTTGGGCTA 3840
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3781  cctcttcatggggtgggctgccctcagcgagcaggagcaggaccctggtctttcctgttgaagctttgggcta 3840

Qy  3841  CGTGGATGACCAGCTGTTCGTTCGTTCTCTCTATGATCATGAGAGTGCGGCCCCGTGGAGCCCCGAAC 3900
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3841  cgtggatgaccagctgttcgttcgttctcatgtcatgatgagagtgcgcgtgtggagccccgaac 3900

Qy  3901  TCCATGGGTTTCAGTAGAATTCAAGCCAGATGTGGCTGCAGTGTGAGTCAGAGTCTGAA 3960
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3901  tccatgggtttccagtagaattcaagccagatggctggcgcagtgtgagctgagtcagagtctgaa 3960

Qy  3961  AGGGTGGGATCACATGTTCACTGTTCGACTTCTGGACTATTATGGAAAATCACCAACAGCCAG 4020
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3961  agggtgggatcacatgttcactgttgactattatggaaaatcacaaccacag 4020

Qy  4021  CAAGGGTATGTGGAGAGGGGGCCTCAGTTTCATCTTTTC 4080
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4021  caagggtatgtggagagggggcctcacccttcctgaggtgtcagagctttcatctttc 4080

Qy  4081  ATGCATCTTGAAGGAACAGCTGGAAGTCTGAGGTCTTGTGTGGAGGAGGGAAG 4140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4081  atgcatcttgaaggaacagctgaaagtctgaggtctgtgtgggagcagggaggaggggag 4140
```

```
Qy   4141  GAATTTGCTTCCTGAGATCATTTGTCCTTGGGGATGGTGGAAATAGGGACCTATTCCTT  4200
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4141  gaatttgcttcctgagatcatttgtccttggggatggtggaaataggacctattcctt  4200

Qy   4201  TGGTTGCAGTTAACAAGGCTGGGGATTTTCCAGATGCCCACACCTGAGTCCAGGTCATCCTG  4260
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4201  tggttgcagttaacaaggctggggatttttccagagtcccacaccctgcaggtcatcctg  4260

Qy   4261  GGCTGTGAAATGCAAGAGACAACACAGAGCTACCGAGTAGCTACGGGCTACGGGTATGATGGG  4320
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4261  ggctgtgaaatgcaagaagcaacagtaccgaagtagctacgggctacggggtatgatggg  4320

Qy   4321  CAGGACCACCTTGAATTCTGCCTGCACACTGGATTGGAGAGCAGCAGAACCCAGGGCC  4380
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4321  caggaccaccttgaattctgcctgcacactgatttggagagcagcagaaccccaggggcc  4380

Qy   4381  TGGCCCACCAAGCTCGAGTGGGAAAGGCACAAGATTCGGGCCAGCAGAACAGGGCCTAC  4440
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4381  tggcccaccaaagctcgagtgggaaaggcacaagattcgggccagcagaacaggggcctac  4440

Qy   4441  CTGGAGAGGGACTGCCCTGCACAGTTGCTGGAGCTGGGGGAGAGTGTTTTG  4500
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4441  ctggagagggactgccctgcacagttgctggagctggggggagagtgttttg  4500

Qy   4501  GACCAACAAGGTATGGTGGAAAACACACTTCTGCCCCTATACTCTAGTGGCAGAGTGGAGG  4560
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4501  gaccaacaaggtatgtggaaaacacacacttctgcccctatactcagtggcagagtggagg  4560

Qy   4561  AGGTTGCAGGGCACGGAATCCTGTGTGGAGTTTCAGAGTTGTGGCTGTGTGCCTC  4620
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4561  aggttgcagggcacggaatcccctgtgttcggcctgagagttgtggctgtgtgcctc  4620

Qy   4621  TCCAAATTCTGGGAAGGGACTTTCTCAATCCTAGTAGTCTTCTAACCTATAATTGAGATGTA  4680
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4621  tccaaattctgggaaggggacttttctcaatcctagtagtctacctataattgagatgta  4680

Qy   4681  TGAGACAGCAGCAAGTCCACCACAGTCATGGGTTTAATTTCTTTCTCCATGCATATGCTTCAAAGGGAA  4740
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4681  tgagacagcaagtccaccacagtcatgggtttaatttcttctccatgcatatgcttcaaagggaa  4740

Qy   4741  GTGTCTATGGCCTTTTGCTTTTATTTAACCAATAATCTTTGTATATTTGTATAATCCTGTTAA  4800
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4741  gtgtctatggccctttgctttttatttaaccaataatcaaaatcttttgtatatttatacctgttaa  4800

Qy   4801  AAATTCAGAAATGTCAAGGCCGGGCACGGTGGCTCACCCCTGTAATCCCAGCACTTTGGG  4860
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4801  aaattcagaaatgtcaaggtcaggggcacggtggctcacccctgtaatcccagcacttggg  4860

Qy   4861  AGGCCGAGGCGCGCGGATCGGAGGTCGAGGTTGCACAAGCTGGACCAGCTGACCAACATGGTGAA  4920
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4861  aggccgaggcgggcggatcggaggtcacaagtttgagaccagcctgaccaacatggtgaa  4920

Qy   4921  ACCCGTCTCTAAAAAAATACAAAAATTAGCTGGGCATCATCGCGCACTGTAGTCCCA  4980
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4921  acccgtctctaaaaaaatacaaaaattagccgggcatcatgcgcacctgtagtcccca  4980

Qy   4981  GCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGAGAATCGCTTGAACCCGGGAAGGCGGAAGTTGCACTGA  5040
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4981  gctaattggaaggctgaggcaggagaatcgcttgaacccgggaaggcggaagttgcactga  5040

Qy   5041  GCCAAGATCGCGCCACTGCACTCCAGCCTGGGCAGCAGAGTGAGACTCCATCTTAAAAAAA  5100
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5041  gccaagatcgcgccactgcactccagcctgggcagcagagtgagactccatcttaaaaaaa  5100

Qy   5101  AAAAAAAAAAAGAGAATTCAGATCTCAGATCATATGATCATATGAATACCAGGACAAA  5160
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5101  aaaaaaaaaaagagaattcagaatctcagatcatcatatgataccaggacaaa  5160

Qy   5161  ATATCAAGTGAGGCCACTTATCAGAGTAGAAGAATCCTTTAGGTTAAAAGTTTCTTTTCAT  5220
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5161  atatcaagtgaggccacttatcagagtagaagaatccctttaggttaaaagtttctttcat  5220
```

```
Qy   5221  AGAACATAGCAATAATCACTGAAGCTACCTATCTTCACAAGTCCGCTTCTTATAACAATGC  5280
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5221  agaacatagcaataatcactgaagctacctatctcttcacaagtccgctcttatataacaatgc  5280

Qy   5281  CTCCTAGTTGACCCAGTGAAACTGACCATCTGTATTCAATCATTTTCAATGCACATAA  5340
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5281  ctcctagttgacccagtgaaactgacctgtattcaatcatttcaatgcacataa  5340

Qy   5341  AGGGCAATTTATTCTATCAGACAACAAGAACATGGTAACAGATAATGTATATTTACATGTG  5400
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5341  agggcaatttatctatcatcagaacaagaacaagatatggttaacagatatgtatatttacatgtg  5400

Qy   5401  AGGAACAAAGCTGATCTGACTGCTCTCCAAGTGACACTGCTTGTTAGAGTGACAATCTTAGG  5460
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5401  aggagaacaagctgatctgactgctctccaagtgacactgttagagtccaatcttagg  5460

Qy   5461  ACACAAAATGGTGTCTCTCTGTAGCTTGTGTTTTTTCTGAAAAGGGTATTCCTTCCTCC  5520
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5461  acacaaaatggtgtctctctgtagcttgtgttctttttctgaaaagggtattcctttcctcc  5520

Qy   5521  AACCTATAGAAGGAAGTGAAAGTTCCAGTCTTCCTGGCAAGGTAAACGATCCCCTC  5580
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5521  aacctatagaagggaagtgaaagttccagtctcctggcaaggtaaacagatcccctc  5580

Qy   5581  CTCATCCTTCCTCTTTCCTGTCAAGTGCCTCCTTGGTGAAGTGACACATCATGTGACC  5640
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5581  ctcatcctcctctttcctgtcaagtgcctccttggtgaaggtgacacatcatgtgacc  5640

Qy   5641  TCTTCAGTGACCACTCTACGGTGCGTCGGCCTTGAACTACTACCCCAGAACATCACCATG  5700
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5641  tcttcagtgaccactctacggtgtgtcggcctgaactactacccccagaacatcaccatg  5700

Qy   5701  AAGTGGCTGAAGGATAAGCAGCCAATGGATGGTGAAACCTCAAGGAGTTCGAACCTAAAGACGTATTG  5760
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5701  aagtggctgaaggataagcagccaatggatggtgaaaatcattggggttgagagacgtattg  5760

Qy   5761  CCCAATGGGGATGGGACCTACCAGGGCTGGATAACCTTGGCGTGTACCCCTGGGGGAAGAG  5820
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5761  cccaatggggatgggaccctaccagggctggataacctggctgtaacctggtacccctgggggaagag  5820

Qy   5821  CAGAGAATACGTACCAGGTGGAGCACCCCAGCGTGATCAGCCTGGATCCCCATGTCGGATCTGG  5880
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5821  cagagatacgtgccaggtggagcacccagccgtgatcagccctggatccctgtcgg  5880

Qy   5881  GGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGCTGAGAAAATCTATTGGGGGTTGAGAGGAGTGCC  5940
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5881  ggtatgtgactgatgagagccaggagctgagaaaatctattggggtgagaggagtgcc  5940

Qy   5941  TGAGGAGGTAATTATGGCAGTGAGATGGAGGATCTGCTCTTTGTTGTGGAGGCTGAGG  6000
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5941  tgaggaggtaattatggcagtgagatggaggatctgctcttgttgtggagctgagg  6000

Qy   6001  GTGCCAATCAAAGGCTTTAACTTGCTTTTCTGTTTTCTGTTTTTGTCGTCATCCTCGGCCACCC  6060
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6001  gtggcaatcaaaggcttaacttgctttttctgttttctgtttagagccctcaccgtctggccaccc  6060

Qy   6061  TAGTACCCTGCCCAGGCCACAGTGGGAAGAGAGGGCAGCAGTCCCGTCATCTGTTCATTGGAATT  6120
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6061  tagtaccctgcccaggcagcacgtggaagagagggcagcagtcccgtcatctgttcattggaattt  6120

Qy   6121  TGTTTCATAATATTAAGGAAGAGGCCAGGGGTTCAAGTGAGTAGGAACAAGGGGAAGTTCT  6180
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6121  tgttcataatattaaggaagaggccagggttcaagtgagtaggaacaaggggaagtcct  6180

Qy   6181  TAGTACCTGCCCATGGGAGAGGGGCACAGTGGGGATCTGGCATCCATGGG  6240
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6181  tagtacctgctgccccagggcacagtggggatcggggatcatccatggg  6240

Qy   6241  AAGCATTTTTCTCATTATATTCTTCTTGTGGAATTCTTTTGTTCTTGTCGCGTCATTCATTGGAATT  6300
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6241  aagcatttttctcattatattcttcttatttctttgtggccaccagctcagttggaatt  6300

Qy   6301  AATGGTTCTCCCCAGAATGAAATGCTCTAATTCAACAAACATCTTCAGCAGCACCTACTAT  6360
```

```
Db       |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
      6301 aatggtctcccagaatgaaagtctcaattcaaccaaacatctcagagcacctactat 6360

Qy         TTTGCAAGAGCTGTTAAGTAGTACGAGGGCTTTGAGGTTGAGAAGTCACTGTGGCTAT
Db       ||||||||||| ||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
      6361 tttgcaagagctgtttaaggtagtacgagggcttgaggttgagaagtcactgtggctat 6420

Qy         TCTCAGAACCCAAATCTGGTAGGGGATTGATTAGCAAGTAAATGTAGTTAAAGAAG
Db       |||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||
      6421 tctcagaacccaaatctggtagggaatgatttagacaagtaaatgtagttaaagaag 6480

Qy         ACCCCATGAGGTCCTAAAGACAGGCAGCAAGCAAATGTCTTAGGGTGTCAAAGGAAAGAAATG
Db       ||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
      6481 acccatgagggtcctaaagacaggcagcaagcaaatgtcttagggtgtcaaaggaaagaaatg 6540

Qy         ATCACATTCAGCTGGGGATCAAGATAGCCTTCTGGATCTTGAGGAGAAGCTGGATTCCA
Db       ||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
      6541 atcacattcagctggggatcaagatagccttctggatcttgaggagaagctggattcca 6600

Qy         TTAGGTGAGGTTGAAGATGATTGGGAGGTCTACACAGACGGAGCAACCATGCCAAGTAGGA
Db       ||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
      6601 ttaggtgaggttgaagatgatgtgggaggtctacacagacggagcaaccatgccaagtagga 6660

Qy         GAGTATAAGGCATACTGGCGAGATTAGAAATAATTACTGTACCTTAACCCTGAGTTTGCGT
Db       |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
      6661 gagtataaggcatactggcgagattagaaataattactgtacctttaaccctgagtttgcgt 6720

Qy         AGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCTACCCCCTGAACATCTGTGGTGTGAGGGAAAAGA
Db       ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
      6721 agctatcactcaccaattatgcattttctaccccctgaacatcttgtgtgtgtaggggaaaaga 6780

Qy         GAATCAGAAAAGAAGCCAGTCATACAGAGTCTTTTGGGATATTGGGTTATGA
Db       |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
      6781 gaatcagaaaagaagccagtccatacagagtcttttgggatattgggttatga 6840

Qy         TCACTGGGGTGTCATTGAAGGAGTCCTAAGAAAGGAGGAGCCACGATCTCCCTTATATGGTG
Db       |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
      6841 tcactgggggtgtcattgaaggagtcctaagaaaggaggagccacgatctcccttatatggtg 6900

Qy         AATGTGTTGTTAAGAGTTAGAGAGGTGAGGAGGACCAGTTAGAAAAGCCAATAAGCAT
Db       |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
      6901 aatgtgttgttaaggagttagagagggtgaggaggaccagttagaaaagccaataagcat 6960

Qy         TTCCAGGATGAGAGATAATGGTTCTTGAAATCCAATAGTGCCCAGGTCTAAATTGAGATGG
Db       |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
      6961 ttccagggatgagagataatggttcttgaaatccaatagtgcccaggtctaaattgagatgg 7020

Qy         GTGAATGAGGAAAATAAGGAAGGAGAGAGAGGCAAGCATGGTCCCTAGGTTTGTGATGCCT
Db       ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
      7021 gtgaatgaggaaaataaggaaggaggagagaggcaagcatggtcccctaggtttgtgatgcct 7080

Qy         CTTTCCTGGGTCTTGTCTTCTCTGTTCATTGGCCTTCTCGTGTTCATTCCTGTTAGCTCTTAGAAACG
Db       |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
      7081 ctttcctggtcttgtcttcctctgttcatttagccttctcattttagcctctcagctcttagaaacg 7140

Qy         TGAGTGACACGGCAGCCTGCAGATCCCGTGATCCCTAGCTGTGACCTCTCCCCTGGAACTG
Db       ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
      7141 tgagtgacacggcagcctgcatgccccgtgatcccgtgatccctagctgtgacctctcccctggaactg 7200

Qy         TTAGGTTTCTGAGTTCCTGCATGCCGGTCCCGTGATCCCTAGCCTGTGACCTCTCCCCTGGAACTG
Db       ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
      7201 ttaggtttctgagttcctgcatgccggtccgtgatcgcggtgatccctagcctgtgacctctcccctggaactg 7380

Qy         TCTCTCATGAGACCTCAAGCTGCATCAGAGCCTTCCTTCATTTCCGTCACCTCAGAG
Db       |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
      7381 tctctcatgagacctcaagctgcatcagagccttcctcattttccgtcacctcagag 7440
```

```
Db       |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
      7381 tctctcatgaacctcaagctgcatcagttcattccgtcacctcagagcttcctcattcctccgtcacctcagag 7440

Qy         ACATACACCTATGTCATTCCTATTTTGAAGAGGACTCCTTAAATTTGGGGGA
Db       |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||
      7441 acatacacctatgtcattcattcctatttttggaagaggactcctaaattttggggga 7500

Qy         CTTACATGATTCATTTAACATCTGAGAAAAGCTTTGAACCCTGGACGTGGCTAGTCAT
Db       |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
      7501 cttacatgattcatttaacatcttaacatctggaaaagctttgaaccctggacgttggctagtcat 7560

Qy         AACCTTACCACGATTTTTACACGTATCTATCATGCTTTCTTGGACCCGTTCAACTTTTCCT
Db       |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
      7561 aaccttaccacgtttttacacgtatctatcatgcatttctggaccgttcaacttttcct 7620

Qy         TTGAATCCTCTCTGTGTTACCCAGTAACTCATCTGCAGCCTTCGGGGATTCTTC
Db       ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
      7621 ttgaatcctctctgtgttaccagtaactcatcatcgtcaccagcctgggattcttc 7680

Qy         CATCTCGATTGTGATGTGAGTTGCACAGCTATGAAGGCTGTACACTGCACGAATGAAGAG
Db       |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
      7681 catctgattgtgatgtgagttgcacagctatgaaggctgtacactgcacgaatggaagag 7740

Qy         GCACCTGTCCCAGAAAAGCATCATGGCCTATCTGTGGGTAGTGATGGGTGTTTTTAGC
Db       ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||
      7741 gcacctgtcccagaaaaagcatcatggcctatctgtgggtagtgatgggtgttttttagc 7800

Qy         AGGTAGGAGGCAAAATATCTTGAAAGGGGTTGTGAAGGGTTGTGAAGAGGTGTTTTTCTAATTGGCATGA
Db       |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
      7801 aggtaggaggcaaaatatcttgaaagggttgtgaagggtgtttctaattggcatga 7860

Qy         AGGTGTCATACAGATTTGCAAAGTTAATGGTGCCCTCATTTGGGATGCTACTCTAGTAT
Db       |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
      7861 aggtgtcatacagatttgcaaagtttaatggtgcctcatttgggatgctactctagtat 7920

Qy         TCCAGACCTGAAGAATCACATAATAATTTCTACCTGGTCTCTCCCTGTTCTGATAATGAAA
Db       |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
      7921 tccagacctgaagaatcacaataatttctacctggtctctccctgttctgataatgaaa 7980

Qy         ATTATGATAAGGATGATGAAAAGCACACTACTTCGTGTCCGACTCTTCTGAGCACTACTTA
Db       |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
      7981 attatgataaggatgataaaagcacacttacttcgtgtccgactcttctgagcacctacttta 8040

Qy         CATGCATTACTGCTCATCGCACCTTCTACAATAATTCTATGAGATAGGTACTATTATCCCCAT
Db       ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
      8041 catgcattactgcatcatgcatgcactcttacacaataattctatgagataggtactattatcccat 8100

Qy         TTCTTTTTAAAATGGAAAATAAGGAAGTGAGTGAGAAGTAGGCCGGCACGGTGGCTCACGCCTGTAATCCC
Db       ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
      8101 ttctttttaaatgaagaaagtgaagtaggccgggcacgtggctcacgcctgtaatccc 8160

Qy         AGCACCTTGGGAGGCCGAGGCGGGTGGATCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCCTGGC
Db       |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
      8161 agcacttgggaggccgaggtggatcacgaggtcaggagatcgagaccatcctggc 8220

Qy         TAACACGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAATACAAAAAAATTAAAAATAAAATTAGCCGGG
Db       ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
      8221 taacatggtgaaaccccatctctaataaaatacaaaataaaataaaaattagccggg 8280

Qy         ACGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGGAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCATGAACCCAGGAGG
Db       ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
      8281 acgcctgtagtcccagctactcgggaggctgaggcaggagaatggcatgaaccaggagg 8340

Qy         CAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTCGCGCCACTGCACTCCAGCCTGGGCGACAGAGTGAGA
Db       |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
      8341 cagagcttgcagtgagccgagttcgcgccactgcactccagcctgggcgacagagtgaga 8400

Qy         CTCCATCTCAAAAAAATAAAATAAAATAAAAATGAAAAAAAAGAAAAGTGAAGTA
Db       ||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||
      8401 ctccatctcaaaaaataaaataaaataaaaatgaaaaaaaagaaaagtgaagta 8460

Qy         TAGAGTATCTCATAGTTTGTCAGTGATAGAAACAGGTTTCAAACTCAGTCAATCCGACCG
Db       ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
      8461 tagagtatctcatagttgtcagtgatagaaacaggtttcaaactcagtcaatccgaccg 8520
```

Qy   8521 TTTGATACATCTCAGACACCACTACATTCAGTAGTTTAGAGATGCCTAGAATAAAATAGAGAA 8580
                ||||||||||||||||||| |||||| ||||||||| |||||||||||||||||||||
Db   8521 tttgatacatctcagacaccactacacttcagtagtttagatgcctagaataaaatagagaa 8580

Qy   8581 GGAAGGAGATGGCTCTTCCTCGTCTCATTGTGTTTCTTCGAGTGAGCTTGAATCACAT 8640
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8581 ggaaggagatggctcttcctcgtctcattgtgtttcttcgagttctgagcttgaatcacat 8640

Qy   8641 GAAGGGAACAGCAGAAAACAACCAACTGATCCTCAGCTGTCATGTTCCTTTAAAAGTC 8700
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8641 gaagggaacagcagaaaacaaccaactgatccctcagccgtcatgttcctttaaaagtc 8700

Qy   8701 CCTGAAGGAAGGTCCTGGAATGCTGACTCCTCCTCCTGCTCCTTGCTTTGGCATTCA 8760
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8701 cctgaaggaaggtcctggaatgctgactcctccctcctgctcctcttggcattca 8760

Qy   8761 TTTCTTTGGACCTTACGCAAGGACTGTAATTGGTGGGGACAGCTAGTGGCCCTGCTGGGC 8820
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8761 tttctttggaccctacgcaaggactgtaattggtggggacagctagtggccctgctgggc 8820

Qy   8821 TTCACACGGTGTCCTCCTCCTAGGCCAGTGCCTCTGGAGTCAGAACTCTGGTGGTATTTC 8880
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8821 ttcacacacgtgtcctccctccctaggccagtgcctctggagtcagaactctggtggtatttc 8880

Qy   8881 CCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCTCATTTTGAGATGGTATAATGGAAGCCACCAAGTG 8940
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8881 cctcaatgaagtggagtaagctctctcattttgagatggtataatggaagccaccaagtg 8940

Qy   8941 GCTTAGAGGATGCCAGGTCTTCCATGGAGCCACTGGGGTTCCGTGCACATTAAAAAA 9000
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8941 gcttagaggatgccaggtccttccatggagccactgggttccggtgcacattaaaaaa 9000

Qy   9001 AAAATCTAACCAGCACATTCAGGAATTCTGTAGATTCTGGGAAATCAGTTCACCATGTTCA 9060
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9001 aaaatctaaccagcacattcaggaattgctagattctgggaaatcagttcaccatgttca 9060

Qy   9061 AAAGAGTCTTTTTTTTTTTTGAGACTCTATTGCCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCCATGAT 9120
                |||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9061 aaagagtcttttt ttttttgagactctattgccccaggctggagtgcaatggccatgat 9120

Qy   9121 CTCGGCTCACTGCTAACCTGTAACCCTCGCCTCCCGTCTCAGGGTGAGCGATTCTCCAGCCTCCCA 9180
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9121 ctcggctcactgctaacctgtaaccctcgcctcccaggttcaagcgattctcctgcctcagccccca 9180

Qy   9181 AGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCATGCCCGGCTAATTTTGTATTTTTAGTAGA 9240
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9181 agtagctgggattacaggcgtgcaccaccatgcccggctaattttgtatttttagtaga 9240

Qy   9241 GACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCCTGACCTCGTGATCCCCC 9300
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9241 gacagggtttcaccatgttggccaggctggtctcgaactcctgacctcgtgatccgcc 9300

Qy   9301 TGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGGGATTACAGGTGTGAGCCACCGCCGCCCAGCCGTCAAA 9360
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9301 tgcctcggcctcccaaagtgctgggattacaggtgtgagccaccgccgcccagccgtcaaa 9360

Qy   9361 AGAGTCTTAATATATATATATGTGGTTAGAAAAGTTATGTGGACATGGTTACTTATGTTACTTACATGCACTTG 9420
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9361 agagtcttaatatatatatatgtggttagaaaagttatgtggacatggttacttactgtttactgtacatgcacttg 9420

Qy   9421 GCTCGCATAAATGTGGTACAAGCATTCTGTCTTCTTGAAGGGCAGGTGCTTCTTCAGGGATACCATAT 9480
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9421 gctcgcataaatgtggtacaagcattctgtcttcttgaagggcaggtgcttcttcagggataccatat 9480

Qy   9481 ACAGCTCAGAAGTTTCTTCTTTAGGCATTAAATTTTAGCAAAGATAATCTCATCTTCTT 9540
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9481 acagctcagaagtttcttctttaggcattaaatttttagcaaagatatctcatctctctt 9540

Qy   9541 TTAAACCATTTTCTTTTTTGTGGTTAGAAAAGTTATGTGGACAAAAAGTAAATGTGATTT 9600
                ||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9541 ttaaaccattttctttttttgtggttagaaaagttatgtggacaaaaagtaaatgtgattt 9600

Qy   9601 ACGGCTCATTGTGAGAAAGCTATAAATGAATACAATTAAAGCTGTTTATTTAATTAGCCAG 9660
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9601 acgctcattgtagaaaagctataaaatgaatacaattaaagcgtgttattattaattagccag 9660

Qy   9661 TGAAAACTATTAACAACTGTCTATTACCTGTAGTATTGTTGCATTAAAAATGCA 9720
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9661 tgaaaactattaacaacttgtctattacctgttagtattgttgcattaaaaatgca 9720

Qy   9721 TATACTTTAATAAATGTATATATGGTATAACTGCATGATTTATTGAAGTTCTTGTTC 9780
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9721 tatactttaataaatgtatatgtaatgtatactgcatgattttattgaagttctgttc 9780

Qy   9781 ATCTTGTGTATATACTTAATACCTTTGTCATTTTGGACACATTTATTTTGCTTCTAATTT 9840
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9781 atcttgtgtatatacttaatacgcttgtcatttgggagacatttattttgcttctaattt 9840

Qy   9841 CTTTACATTTTGTCTTACGGATTATTTCAATTTCATTCAACTGTGGTAGCCGAATAATCGTGTT 9900
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9841 cttacatttgtcttacggaatatttcattcaacctgttagtagccgaataatcgtgtt 9900

Qy   9901 TCTTCACTCTAGGGACATTGTCGTCTAAGTTGTAAGACATTGGTATTTTTACCAGCAAAC 9960
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9901 tcttcactctaggggacattgtcgtctaagttgtaagacattggtatttttaccagcaaac 9960

Qy   9961 CATTCTGAAAGCATATGACAAATTAATTTCTCTTAATATCTTAATATCCTTAATACTGAAAGCAGA 10020
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9961 cattctgaaagcatatgacaaattatttctcttaatatcttaatactactgaaagcaga 10020

Qy 10021 CTGCTATAAGGCTTCACTTACTCTTCTTCTACCCTCATAAGGAATAATGTTACAÁATTAATTTATT 10080
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 10021 ctgctataaggcttcacttactcctcatcataaggaatatgttacaattaattatt 10080

Qy 10081 AGTAAGCATTGTTTTATATTGGTTTATTCCTCCTGGCTCACTGGGCTGAGATTCAAGAAACACC 10140
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 10081 agtaagcattgtttttattggttttatattggtttcttcaccttcagggaaacacc 10140

Qy 10141 CCAGTCTTCACAGTAACATATGCAACAATTATTTCTCTTAATATCTTACTAAACACTGTGGCCT 10200
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 10141 ccagtcttcacagtaacagtaacatatgcaacaaataaacacatacatgtggcct 10200

Qy 10201 GTTAATTTTTAATAGAAATTTAATGAAATTTAAGGCCTCATTTCTTCTTCGGTGTGTTTTTAAGCTTAA 10260
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 10201 gttaatttttttaatagaaatttaatgaaatttaagtttctcattttggtgttttttaagctaa 10260

Qy 10261 TTTTTCTCGGCTTTATTCATAAATTCTTAAGGTCAAGGAATTTGAAAAATCAAAGACCTG 10320
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 10261 ttttctggctttattcataaattcttaaggtcaactcatttgaaaaatcaaagacctg 10320

Qy 10321 CATTTTAAATTCTTATTCCACCCTCTGGCAAAACCATTCACAAAACCATGTAGTAAAAGAA 10380
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 10321 cattttaaattcttattccacccctctggcaaaacctggcaaaaccatggtaagtagtaaagagaa 10380

Qy 10381 GGGTGACACCTGGGCCATAGTGGCCCATAGTAAATGTACCACGGTGGTCCGGTGACCAGAGATGCAG 10440
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 10381 gggtgacaacctggccatagtggccatagtaaatgtaccacggtgtccggtgaccagagatgcag 10440

Qy 10441 CGCTGAGGGTTTCCTGAAGGTAAAGGAATAAAGAATTGGTGGAGGGGCGTGCACTGGAA 10500
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 10441 cgctgagggtttccctgaaggtaaaggaataaagaatggtggagggtggtgcactggaa 10500

Qy 10501 ATCACTTGTAGAGAAAAGCCCCTGAAAATTTGAGAAAAAGGAAAACAACTTACCAG 10560
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 10501 atcacttgtagagaaaaagcccctgaaaatttgagaaaaaagaaaaacaagaaaactacttaccag 10560

Qy 10561 CTATTGAATTGCTGGAATCAACAGGCCATTGCTGAGCTGCCGAACTGGGACAACAACAG 10620
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 10561 ctatttgaattgctggaatcaacaggccattgctgagctgcctgaactgcgagagatgcag 10620

Qy 10621 AAGGAAAAACAAACCACTCGATAATCCTGATACATTGAGTCAAGTACAGCAGTCGATTGAGGACTGC 10680
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 10621 aaggaaaaacaaaccaccctgataatcctgatacattgagtcaagtacagcagtcgattgaggactgc 10680

Qy 10681 TGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTTATGTTGTATTATAATAAATTCTTATTATAATACTGT 10740

```
Db 10681 tgagaggtacaggccaaaatcttatgttgtattaataatgtcatccttataatactgt 10740
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy 10741 CAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTTCACACACATTTAAAAACAAAACACTGTCTC 10800
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 10741 cagtatttttataaacattcttcacaaactccacaacctcacacacattcaaaaacacactgtctc 10800
Qy 10801 TAAAATCCCCAAATTTTTCATAAAC 10825
         |||||||||||||||||||||||||
Db 10801 taaaatccccaaatttttcataaac 10825
```

RESULT 5
AAT96690
ID AAT96690 standard; DNA; 10825 BP.
XX
AC AAT96690;
XX
DT 14-APR-1998 (first entry)
XX
DE Hereditary haemochromatosis gene.
XX
KW Hereditary haemochromatosis; metal toxicity; diagnosis;
KW gene therapy; prenatal screening; human; ds.
XX
OS Homo sapiens.
XX
FH Key   Location/Qualifiers
FT CDS   361..7147
FT   /*tag= a
FT   /note= "contains introns"
FT intron   437..3761
FT   /*tag= b
FT   /number= 1
FT intron   4026..4234
FT   /*tag= c
FT   /number= 2
FT intron   4511..5605
FT   /*tag= d
FT   /number= 3
FT intron   5882..6039
FT   /*tag= e
FT   /number= 4
FT intron   6154..7106
FT   /*tag= f
FT   /number= 5
FT mutation   3872
FT   /*tag= g
FT   /note= "C to G substitution (24d2 mutation)
FT   results in His to Asp substitution"
FT variation   3878
FT   /*tag= h
FT   /note= "A to T substitution (24d7 variant)
FT   results in Ser to Cys substitution"
FT mutation   5834
FT   /*tag= i
FT   /note= "G to A substitution (24d1 mutation
FT   associated with HH), results in Cys to
FT   Tyr substitution"
XX
PN WO9738137-A1.
XX
PD 16-OCT-1997.
XX
PF 04-APR-1997; 97WO-US06254.
XX
PR 23-MAY-1996; 96US-0652265.
PR 04-APR-1996; 96US-0630912.
PR 16-APR-1996; 96US-0632673.
XX
PA (MERC-) MERCATOR GENETICS INC.
XX
PI Drayna DT, Feder JN, Gnirke A, Ruddy D, Thomas WJ;

PI Tsuchihashi Z, Wolff RK;
XX
DR WPI; 1997-512743/47.
DR P-PSDB; AAW36499.
XX
PT Hereditary haemochromatosis gene and variants - useful for diagnosis
PT and treatment of hereditary haemochromatosis disease
XX
PS Disclosure; Fig 3; 115pp; English.
XX
CC This genomic DNA sequence corresponds to the human gene whose
CC mutated form is associated with hereditary haemochromatosis (HH).
CC To identify this novel gene, allelic association patterns were
CC determined between known markers and the HH locus in the HLA region
CC of chromosome 6. A physical clone coverage was then generated
CC extending from D6S265, which is a marker that is centromeric of
CC HLA-A, in a telomeric direction through D6S276, a marker at which
CC the allelic association was no longer observed. A single mutation
CC (24d1) in the HH gene appears responsible for the majority of HH
CC disease. This comprises a G to A substitution that is present in
CC 86% of affected chromosomes and in 4% of unaffected chromosomes.
CC It results in a Cys to Tyr substitution in the encoded protein (see
CC AAW36499) at a critical disulphide bridge important for secondary
CC structure. The following are claimed: the HH genomic DNA (I), a
CC 1437 bp cDNA sequence (Ia) (see AAT96691) and their 24d1, 24d2 and
CC 24d7 variants; a cloning or expression vector; host cells; a
CC peptide product chosen from the HH gene product, its variants
CC (24d1, 24d2 and 24d7), or a peptide of at least 56 amino acid
CC residues of these; an antibody produced using the peptide; a method
CC to determine the presence or absence of the common HH gene
CC mutation; an animal model for the HH disease; metal chelation
CC agents, T-cell differentiation factors and therapeutic agents for
CC the mitigation of injury due to oxidative process in vivo or
CC mitigation of iron overload; a method for screening potential
CC therapeutic agents for activity in connection with HH disease; an
CC antisense oligonucleotide directed against a transcriptional
CC product of a nucleic acid sequence as above; and oligonucleotides
CC or pairs of oligonucleotides covering a range of nucleotides from
CC (I), (Ia) or their variants, useful for detecting a polymorphism in
CC the HH gene. The invention also relates to methods for screening
CC for HH homozygotes, to HH diagnosis, prenatal screening and
CC diagnosis, and therapies of HH disease, including gene therapy,
CC protein- and antibody-based therapeutics, and small molecule
CC therapeutics.
XX
SQ Sequence 10825 BP; 2996 A; 2254 C; 2648 G; 2927 T; 0 other;

```
Query Match           99.9%;  Score 10817;  DB 18;  Length 10825;
Best Local Similarity 100.0%;  Pred. No. 0;
Matches 10820;  Conservative 0;  Mismatches 5;  Indels 0;  Gaps 0;

Qy   1 TCTAAGTTGAGATAAAATTTTAAATGTATGATTGAATTTGAAAATCATAAAATATTA 60
       ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1 tctaagttgagataaaatttttaaatgtatgattgaattttgaaaatcataaaatattta 60

Qy  61 AATATCTAAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTTCCCCATCAACAACAACCCCT 120
       ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  61 aatatctaaagttcagatcagaacattgcgaagctactttccccatcaacaacaaccccct 120

Qy 121 TCAGGATTTAAAAACCAAGGGGACACTGGATCACCTAGTGTTTCACAAGCAGTGACCTT 180
       ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 121 tcaggatttaaaaaccaaggggacactggatcacctagtgtttcacaagcagtgacctt 180

Qy 181 CTGCTGTAGGAGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTTGCTTTTGCCAGGAAGTT 240
       ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 181 ctgctgtaggagagagagaactaaagttctgaaagacctgttgctttttcaccaggaagtt 240

Qy 241 TTACTGGCATCTCCTGAGCCTAGGCAATAGCTGTAGGGTGACTTCTGGAGCCATCCCCG 300
       ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 241 ttactggcatctcctgagcctaggcaatagctgtagggtgacttctggagccatccccg 300

Qy 301 TTTCCCGCCCCCCAAAAGAAGCGGAGATTTAACGGGGACGTGCGCCAGAGCTGGGGAA 360
```

Mon Jul 9 10:09:30 2001

us-09-497-957-3.rng

Page 24

```
Db   301  |||||||| | |||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
          tttccccccgcccccaaagaaggcggagatttaacgggacggtcggccagagctggggaa  360

Qy   361  ATGGGCCGCGAGCCGGCCCAGGCCGGCGGCCGCTTCTCCCTGATGCTTTGCAGACCCGGTCCTG  420
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   361  atgggcccgcgagccgccaggccggcggcgcggcctctcctcctgatgctttttgcagacccggtcctg  420

Qy   421  CAGGGGCCGCTTGCTGCGTGAGTCCGAGGGCTGGCGGCGAACTAGGGGCGCGGCGGGGTG  480
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   421  cagggcgcttgctgcgtgagtccgagggctgcggcgaactaggggcgcggcggggtg  480

Qy   481  GAAAAATCGAAACTAGCTTTCTTTGGCGTTGGCGGAGTTTGCTAACTTGGAGGACCTGC  540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   481  gaaaaatcgaaactagctttcttttgcgcttggcgtggcgagcctgatgctcccacttcatagc  540

Qy   541  TCAACCCTATCCGCCAAGCCCCTCCTTCTCGCTCCCAGACCCCGTGAGGAGTGCC  600
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   541  tcaaccctatccgccaagcccctcctcctctactttctcgtccagacccgtgagggagtgc  600

Qy   601  CTACCACTGAACTGCAGATAGGGGGTCCCTGCCCCAGGACCTGCCCCCTCCCCGGCTGT  660
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   601  ctaccactgaactgcagatagggtcccctgccctgcccccaggacctgcccccctcccccggctgt  660

Qy   661  CCCGGCTCTGCGGAGTGACTTTTGAACCGCCCACTCCCTTCCCCAACTAGAATGCTTT  720
          |||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   661  ccccggctctgcggagtgactttttggaaccgcccactcccttcccccaactagaatgctttt  720

Qy   721  TAAATAAATCTCGTAGTTCCTCACTTGAGCTCTGAGCTAAGCCTCGGTCCTTGAACCTGG  780
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   721  taaataaatctcgtagttcctcacttgagctgagctaagcctgggctccttgaacctgg  780

Qy   781  AACTCGGGTTTATTCAGTCAGCGTGTGCAGTTTTTCCCAGTCATCTCCAAACAGG  840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   781  aactcggggttttatttccaatgtcagctgcagtttttccccagtcatctccaaacagg  840

Qy   841  AAGTTCTTCCCTGAGTGCTTGCCCGAGAAGGCTGAGCAAACCCACAGGATCCGCACGG  900
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   841  aagttcttccctgagtgcttgcccgcgagaaggctgagcaaacccacagcaggatccgcacgg  900

Qy   901  GGTTTCCACTCAGAACCAGCAATGCCGTTGGGCGCGGTTGGGCGCGCGAAAGAGTGGCCTTGGGGA  960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   901  ggtttccacctcccagaacccagcgaatgcgtttgggcggttgggcgcgaaagatggcgttgggga  960

Qy   961  TCTGAATTCTTCACCATTCCACCCACTTTGGTGACACCTCGGGGTCGGAGGTCCTAGGGT  1020
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   961  tctgaattcttcaccattccaccaccttggtgacctcgggggtgggtcctaggggt  1020

Qy  1021  GGGAGGCTTCCTGAGAGAGGCCTACCTGCCCTCGGGCCTTCCCGGCCAATTGTTCTTTT  1080
          |||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1021  gggaggctcctgagagaggcctacctgccctcgggccttcccggccaattgttctttt  1080

Qy  1081  GCCTGGAAAATTAAGTATATGTTAGTTTTGAACGTTTTGAACTGAACAATTCTCTTTTCGG  1140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1081  gcctggaaaattaagtatatgttagttttgaacgtttgaactgaacaattctttttcgg  1140

Qy  1141  CTAGGCTTATTGATTGATGTGTGTGTAATTAAGGACGCTTCCTACAAAGTACTGA  1200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1141  ctaggcttattgatttgcaatgcgtgtaattaagaggcctctccacaaagtactga  1200

Qy  1201  TAATGAACATGTAAGCAATGCACTCACTTCTAGTTCACTTCATATCTGATCTTATTTGA  1260
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1201  taatgaacatgtaagcaatgcactcacttctaagttacattctcatatctgatcttatttga  1260

Qy  1261  TTTTCACTAGGCATAGGGAGGTAGGAGGTAGTTTTATTTTTACTAGAAGTTAACT  1320
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1261  ttttcactaggcatagggaggtaggagttagtttttactagaagttaact  1320

Qy  1321  GGAATTCAGATTATTATAACTCTTTTCACAAAGAACATAAATAATCTGTTTTCTG  1380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1321  ggaattcagattattataacctcttttcaggttacaaagaacataaataatctggttttctg  1380

Qy  1381  ATGTTATTTCAAGTACTACAGCTGCTTCTAATCTTAGTTGCACGTGATTTTGCCCTGTAG  1440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1381  atgttattttcaagtactacagctgcttctaatcttagttgacagtgattttgccctgtag  1440
```

```
Db  1381  atgttattttcaagtactacagctgcttctaatcttagttgacagtgatttttgccctgtag  1440

Qy  1441  TGTAGCACAGTGTTCTGTGGTCACAGCAGACCTTCAGCGCCCTCAGCCACTTTGAGTTTTGGTA  1500
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1441  tgtagcacagtgtctgtgggtcacacagcccgcctcagcacactttgagtttggta  1500

Qy  1501  CTACGTGTATCCACATTTACACATGACAAGAATGAGGCATGGCACGGCCTGCTTCCTGG  1560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1501  ctacgtgtatccacatttacacatgacaagatgacaagacggcatggcacggcctgctctcctgg  1560

Qy  1561  CAAATTTATTCAATGGTACACTGGGCTTTGGTGGCAGAGCTCATGTCTCCACTTCATAGC  1620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1561  caaatttattcaatggtacactgggcttttggtggcagagctcatgtctcccacttcatagc  1620

Qy  1621  TATGATTCTTAAACATCACACTGCATTAGAGGTTGAATAATAAAATTTCATGTTGAGCAG  1680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1621  tatgattcttaaacatcacacactgcattagaggttgaataataaaattcatgttgagcag  1680

Qy  1681  AAATATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGCATCCCAGCCCATGTGTTGCACTGTTCAAGCCC  1740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1681  aaatattcattgttttacaagtgtaaatgcatccccagcccatgttgcactgttcaagccc  1740

Qy  1741  CAGGGGAGAGAGCAGGGAAACAAGTCTTTACCCTTTGATATTTTGCATTCTAGTGGGAGA  1800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1741  caggggagagagcagggaaacaagtcttttaccccttgatattttgcattctagtgggaga  1800

Qy  1801  GATGACAATAAGCAAATGCAGAAAGATATACAACATCAGGAAATACAACATCATGGGTGTTGTGA  1860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1801  gatgacaataagcaaatgacaagatatacaacatcaggaaatcatgggtgttgtga  1860

Qy  1861  GAAGCAGAGAAGTCAGGGCAAGTCACTCTGGGGGCTGACACTTGAGCAGAGACATGAAGGA  1920
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1861  gaagcagagaagtcagggcaagtcactctgggggctgacacttgagcagagacatgaagga  1920

Qy  1921  AATAAGAATGATATTGACTGGTGGCAGCAGTATTTCCCAGCAAACGAGTGGGCCTGGCAAG  1980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1921  aataagaatgatattgactgggtggcagcagtattccccagcaaacgagtgggcctggcaag  1980

Qy  1981  TTGGATTAAAAACGGGGTTTTCTCAGCACTCATGTGTGTGTGTCTAGCAGTATCCTGT  2040
          |||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1981  ttggattaaaaagcggtttctccagcactccatgtgtgtgtgtgtggtgg  2040

Qy  2041  CGGCTGCGGGGTGGGAAGGGGACTACCATCTGCATCTGCAGGATGTCTAGCAGTATCCTGT  2100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2041  cggcgtggggtggtggaaggggactaccatctgcatctgcaggatgtctagcagtatcctgt  2100

Qy  2101  CCTCCCTACTCACTAGGTGCTAGGAGCACTCCCCCAGTCCTTGCAACCAAAAATGTCTCT  2160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2101  cctcccctactcactaggtgctaggagcactcccccagtccttgacaaccaaaaatgtctct  2160

Qy  2161  AAACTTTGCCACATGTCACCTAGTAGACAAACTCTGGTTAAGAAGCTCGGGTTGAAAAA  2220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2161  aaacttttgccacatgtcacctagtagacaaacctcctggttaagaagctcggggttgaaaatg  2220

Qy  2221  AATAAACAAGTAGTGCTGGGAGTAGGCCAAGAGAGTAGGTAATGGCTCAGAAGAGGA  2280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2221  aataaacaagtagtgctgggagtaggggtagggggtagagagctcagaagaagga  2280

Qy  2281  GCCACAAAACAAGGTTGTGCAGGAGTTGTCCAGGCGCCGCCTGTAGGCGTGGTGTTAGCCAAGGAGTA  2340
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2281  gccacaaacaaggttgcaggcgcgccctgtaggtcgtggttgaattctagccaagggagta  2340

Qy  2341  ACAGTGATCTCACAGGCTTTCACCTGGTAGGAGCTAATAATACGTTTATTTTACTAGAAGTTAACT  2400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2341  acagtgatctgtgcacaggctttaaaagattgctgcctgtttaaaagttcggaaagcagaatg  2400

Qy  2401  AAGGGAGGGCAACGAACAAGTAAAAGCAGGGAGGCCAGCCAGAAGCGTTACACAGTGTTCAGGCAAG  2460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2401  aagggagggcaacgaacagtaaaagcagggaggccagccagaagcgttacacagtccaggcaag  2460

Qy  2461  AGGTAGTCGAGTCGGCTGGCTGGCTGGGTGGGGAACAGAAAAAGGAGTGACAAACCATTGTCTCCCTGAA  2520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2461  aggtagtggagtcggctgggtggtgggaacagaaaaaggagtgacaaaaccattgtctccctgaa  2520
```

```
Qy  2521  TATATTCTGAAGGAAGTTGCTCAAGGATTCTATGTTGTCGTGAGGAGAAGAGAAGAATGG  2580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2521  tatattctgaaggaagttgctcaaggattctatgttgtcgtgaggagaaagagaagaattgg  2580

Qy  2581  CTGGGTGTAGTAGCTCATGCCAAGGAGGAGGCCAAGGAGCAGATTCCTGAGCTCAGGA  2640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2581  ctgggtgtagtagctcatgccaaggaggaggccaaggagcagattcctgagctcagga  2640

Qy  2641  GTTCAAGACCAGCTGGCAACACAGCCAAAACCCTTCTCTACAAAAATACAAAAATTA  2700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2641  gttcaagaccagcctggcaacacagccaaaaccccttctctacaaaaatacaaaaatta  2700

Qy  2701  GCTGGGTGTGGTGGCATGCACCTGTAGTCCCAGCTACTCGGGGAGGCTGAGGTGGAGGGTA  2760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2701  gctgggtgtggtggcatgcacctgtatcccagctactcgggaggctgaggtggagggta  2760

Qy  2761  TTGCTTGAGCCCAGGAGGTTGAGGCTGCAGTGAGCCGAGATCGTGCCCACTGTACTTCAGC  2820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2761  ttgcttgagcccaggaggttgaggctgcagtgagccgagatcgtgccactgtacttcagc  2820

Qy  2821  CTAGGTGACAGAGCAAGACCCTGTCTCCCCTGAAAAGAGAGAAGAGTTAAAGT  2880
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2821  ctaggtgacagagcaagacccgtctccctgaaaagagagaagagttaaagt  2880

Qy  2881  TGACTTTGTTCTTTATTTTAATTTATTGGCCTGAGCAGTGGGTAATTGGCAATGCCAT  2940
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2881  tgactttgttctttattttaattttattggcctgagcagtgggtaattggcaatgccat  2940

Qy  2941  TTCTGAGATGGTGAAGGCAGAGCAAAGAGCAGTTGGGTAAAATCAAGGATCTGCATTTG  3000
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2941  ttctgagatggtgaaggcagagcaaagagcagttgggtaaatcaaggatctgcatttg  3000

Qy  3001  GGACATGTTAAGTTGAGATTCCAGTCAGGCTTCAAGTGGTGAGGCCACATAGGCAGTT  3060
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3001  ggacatgttaagtttgagattccagtcaggcttcaagtggtgaggccacataggcagtt  3060

Qy  3061  CAGTGTAAGAAATTCAGGACCAAGGCTGGGCACGGTGGCTCACTTCTGTAATCCCAGCACT  3120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3061  cagtgtaagaaattcaggaccaaggctgggcacggtggctcacttctgtaatcccagcact  3120

Qy  3121  TTGGTGGCTGAGGCAGGTAGATCATTTGAGGTCAGGAGTTTGAGACAAGCCTTGCCAACA  3180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3121  ttggtggctgaggcaggtagatcatttgaggtcaggagtttgagacaagccttgccaaca  3180

Qy  3181  TGGTGAAACCCCATGTCTACTAAAAATACAAAAATTAGCCGGGCGTGGTGGCGCGCACGCCT  3240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3181  tggtgaaaccccatgtctactaaaaatacaaaaattagccgggcgtggtggcgcgcacgcct  3240

Qy  3241  ATAGTCCCAGGTTTTCAGGAGGCTTAGGCAGGAGAATCCCTTGAACCCGGGAGGTGCAGG  3300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3241  atagtcccaggtttcaggaggcttaggcaggagaatcccttgaacccgggaggtgcagg  3300

Qy  3301  TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGATAGAGTGAGACTCTGT  3360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3301  ttgcagtgagctgagattgtgccactgcactccagcctgggtgatagagtgagactctgt  3360

Qy  3361  CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTCCAGGATTTGGG  3420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3361  ctcaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaactgaaggaattattcctccaggatttggg  3420

Qy  3421  TCTAATTTGCCCTGAGCACCACCAACTCCTGAGTTCAACTACCATGGCTAGACCACCTTAAC  3480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3421  tctaatttgccctgagcaccaccaactcctgagttcaactaccatggctagacca...  3480

Qy  3481  ATTTTCTAGAAATCCACCAGCTTTAGTGGAGTCTGTCTAATCATGAGTATTGGAATAGGAT  3540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3481  attttctagaaatccaccagctttagtggagtctgtctaatcatgagtattggaataggat  3540

Qy  3541  CTGGGGCGCCTGAGGGGTGGCAGCCACGTGGCCACCGTGTGGCCAGAGAAAGCACACAGGAAAGAGC  3600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3541  ctggggcagtgaggggggtggcagccacgtggccaccgtgtggccagagaaagcacacaggaaagagc  3600
```

```
Qy  3601  ACCCAGGACTGTCATATGGAAGAAAGACAGGACTGCAACTCACCCTTCACAAATGAGGA  3660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3601  acccaggactgtcatatggaagaaagacaggactgcaactcacccttcacaaatgagga  3660

Qy  3661  CCAGACACAGCTGATGGTATGGCAGTGTGCAGGTGCGTGTGGAGCCTCAACATCCTGCTCCC  3720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3661  ccagacacagctgatggtatgatggcagtgtgcaggtgcgtgtggagcctcaacatcctgctccc  3720

Qy  3721  CTCCTACTACACATGGTTAAGGCCTGTTGCTCTGTCCCAGTTCACACTCTCTGCACTA  3780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3721  ctcctactacacatggttaaggcctgttgctctgtcccagttcacactctctgcacta  3780

Qy  3781  CCTCTTCATGGGTGCCTCAGCAGGAGGCTGAGGTGGGGCTA  3840
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3781  ccctcttcatgggtgcctcagcaggaggctgaggtttgggcta  3840

Qy  3841  CGTGGATGACCAGCTGTTCGTGTTCATGATCATGAGAGTCGCGCCGTGTGGAGCCCGAAC  3900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3841  cgtggatgaccagctgttcgtgttcatgatcatgagagtcgcgccgtgtggagcccgaac  3900

Qy  3901  TCCATGGGTTCCAGTAGAATTCAAGCCAGATGTGGCTGCAGCTGCAGAGTCTGAA  3960
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3901  tccatgggttccagtagaattcaagccagatgtggctgcagctgcagagtctgaa  3960

Qy  3961  AGGGTGGGATCACATGTTCACTGTTGACTTCCTCTGGACTATTATGGAAAATCACAACCACAG  4020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3961  agggtgggatcacatgttcactgttgacttcctctggactattatggaaaatcacaaccacag  4020

Qy  4021  CAAGGGTATGTGGAGAGGGGCCTCCACCTTCCTGAGGTTGTCAGAGCTTTCATCTTTTC  4080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4021  caagggtatgtggagagggggcctccaccttcctgaggttgtcagagctttcatctttc  4080

Qy  4081  ATGCATCTTGAAGGAAACAGCTGGAAGTCTGGAGGTCTGTGTGGGAGCAGAGGGGAAG  4140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4081  atgcatcttgaaggaaacagctggaagtctggaggtcttgtgggagcagaggggaag  4140

Qy  4141  GAATTTGCTTCCTGAGATCATCATTTGGTCTCTTGGTCCTGGGATGGTGAAAAAGGACCTATTCCTT  4200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4141  gaatttgcttcctgagatcattcattggtcctgggatggtgaaatggaataggacctattcctt  4200

Qy  4201  TGGTTGCAGTTAACAAGAGCTGGGGGATTTTTCCAGAGTTTTCCAGAGCTCCAGTCATCATCCTG  4260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4201  tggttgcagttaacaagagctgggga...cagtccagtcatcatcctg  4260

Qy  4261  GGCTGTGAAATGCAAGAGACAACAGTACCGAGGGCTACTGCGAGTGTATGGGTATGATGGG  4320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4261  ggctgtgaaatgcaagaagacaacaacagtaccgagggctactggtgaagtacgggtatgatggg  4320

Qy  4321  CAGGACCACCTTGAATTCTGCCCTGACACACTGGATTGGAGAGCAGCAGACCCAGGGCC  4380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4321  caggaccaccttgaatctgccctgacacactggattggagagcagcagacccagggcc  4380

Qy  4381  TGGCCCCAAGCTGGAAAGGCACACAGATTCGGGCCAGCAGAACAGGGCCTAC  4440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4381  tggcccccaaagctatgtgtggaaacacacactctgcccccatacctctagtggcagagtggggcctac  4440

Qy  4441  CTGGAGAGGGGACTGCCCTGCCCGTGGAGCTGCTCAGAGTTGCTGGGAGAGGTGTTTTG  4500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4441  ctggagaggggactgccctgcccgtgcacagtcagcaggtcggagagggtgttttg  4500

Qy  4501  GACCAACAAGGTATGTGGAACAACCACTTCTGCGCCCCTATACTTCCTAGTTGGCGAGTGGGAGG  4560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4501  gaccaacaaggtatgtggaaacacactctgcccccatacctctagttggcgagtggggagg  4560

Qy  4561  AGGTTGCAGGGCACCGGAATCCCTGGTTGGAGTTCAGAGGTCGGCTGTGTCCCTC  4620
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4561  aggttgcagggcacggaatcccggttggagtttcagaggtcggcctgtgtgcctc  4620

Qy  4621  TCCAAATTCTGGAAGGGACTTTCTCAATCCTCAGTCTCTACCTTATAATTGAGATGTA  4680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4621  tccaaattctgggaagggacttctcaatcctcaatcctagagtcttcacctatatttgagatgta  4680

Qy  4681  TGAGACAGCCACAAGTACATGGGTTTAATTTCTTTTCTTTTTTCCATGCATGGCTCAAAGGGAA  4740
```

Db   5761 cccaatgggatgggacctaccaggcgtggataaccctggcgtgtaccccctgggaagag 5820
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy   5821 CAGAGATATACGTACCAGGTGGAGCACCCAGGCTGGATCGATCAGCCTGTGATCTGG   5880
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5821 cagagatatacgtgccaggtggagcacccaggcctggatcagcccctcattgtgatctgg 5880

Qy   5881 GGTATGTGACTGATGAGAGCACCAGGAGCTGAGAAAATCTATTGGGGTTGAGAGGAGTGCC 5940
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5881 ggtatgtgactgatgagagcaccaggagctgagaaaatctattggggttgagaggagtgcc 5940

Qy   5941 TGAGGAGGTAATTATGGCAGTGAGATGAGGATCTGCTCTTTGTTGGTGGGGTGGCCTGAGG 6000
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5941 tgaggaggtaattatggcagtgagatgaggatctgctcttttgttggtggggtggcctgagg 6000

Qy   6001 GTGGCAATCAAAGGCTTTAACTTGCTTTTCGTTTTCTGTTTTCTGTTTTCATTGGAATTT 6060
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6001 gtggcaatcaaaggcttaacttgcttttcgttttctgtttctgttttcattggaattt 6060

Qy   6061 TAGTCATTGGAGTCATCAGTGGAATTGTCGTCATCTTGTTCATTGCAGTTGCACTGA 6120
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6061 tagtcattggagtcatcagtggaattgtcgtcatcttgttcattgcagttgcactga 6120

Qy   6121 TGTTCATAATATTAAGGAGAGGCCAGGGTTCAAGTGAGTGAGGAACAAGGGGGAAGTCTCT 6180
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6121 tgttcataatattaaggagaggccagggttcaagtgagtgaggaacaaggggggaagtctct 6180

Qy   6181 TAGTACCTCTGCCCCAGGGCACAGTGGGAGAGGGGCAGAGGGGGATCTGGCATCCATGGG 6240
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6181 tagtacctctgccccagggcacagtgggagaggggcagaggggatctggcatccatggg 6240

Qy   6241 AAGCATTTTCTCATTTTATTATTTCTTTGGGGACACCAGCAGCTCCCTGGGAGACAGAAAAT 6300
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6241 aagcattttctcatttatttatttcttttgggacaccagcagctccctgggagacagaaaat 6300

Qy   6301 AATGGTTCTCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCAACAACATCTTCAGAGCACCTACTAT 6360
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6301 aatggttctccccagaatgaaagtctctaattcaacaacatcttcagagcacctactat 6360

Qy   6361 TTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTAGTACAGGGGCTTGAGGTTGAGAAGTGCACTGTGGCTAT 6420
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6361 tttgcaagagctgtttaaggtagtacaggggcttgaggttgagaagtgcactgtggctat 6420

Qy   6421 TCTCAGAACCCAAATCTGGTAGGGAATGAAATTGATAGCAAGTAAATGTAGTTAAAGAAG 6480
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6421 tctcagaacccaaatctggtaggggaatgaaattgatagcaagtaaatgtagttaaagaag 6480

Qy   6481 ACCCCATGGAGGTCCTAAAGCAGGCAGGAAGCAAATGCTTAGGGTGTCAAAGGAAAGAATG 6540
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6481 acccccatggaggtcctaaagcaggcaggaaatgcttaggggtgtcaaaggaaagaatg 6540

Qy   6541 ATCACATTCAGCTGGGATCAAGATAGCCTTCTGGATCTTGAAGGAGAAGCTGGATTCCA 6600
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6541 atcacattcagctgggatcaagatagcctttctggatcttgaaggagaagctggattccca 6600

Qy   6601 TTAGGTAGGTTGGAAGATGATCGGGAGATTAGAAATAATTACTGTACCTTAACCCTGAGTTGCGT 6660
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6601 ttaggtaggttgaagatgatcgggagattagaaataattactgtaccttaaccctgagtttgcgt 6660

Qy   6661 GAGTATAAGGCATACTGGGAGATTAGGAGATTCTACCCTGGTAGGTAGGAGGAACATGCCAAGTAGGA 6720
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6661 gagtataaggcatactgggagattaggagatttgaaggtgcatacatagagataagctaaccatgccaagtagga 6720

Qy   6721 AGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCTACCCCTGACATCGTGTGGTAGGAGGAAAAGA 6780
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6721 agctatcactcaccaattatgcattctaccccctgaacatctgttgtgtaggagggaaaaga 6780

Qy   6781 GAATCAGAAGAGAGCCAGCTCATCACAGAGTTCAAGGGGCGTCTTTGGGATATTGGGTTATGA 6840
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6781 gaatcagaagagagcccagctcatcacagagttcaagggcgtctttgggatattgggattatga 6840

Qy   6841 TCACTGGGGTGTCATTGAAGGATCCTAAGGAAGACGTTGGCTGTACCCCTTGGGGAAGAG 6900
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6841 tcactgggtgtcattgaaggatcctaaggaagacgtattg gggattgggaagag 6900

Db   4681 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
           tgagacagcacagtcatgggttcaattcttctttccccatgcatggctcaaagggaa 4740
Qy   4741 GTGTCTATGGCCCTTGCTTTTTTATTTAACCAATAAATCTTTGTATATTTATACCTGTTAA 4800
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4741 gtgtctatggccctgcttttttattttaaccaataaatctttgtatattttataccctgttaa 4800
Qy   4801 AAATTCAGAAATGTCAAGGCCGGCCACCGGGCACGGTGGCTCACACCCTGTAATCCCAGCACTTTGGG 4860
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4801 aaattcagaaatgtcaaggccggccacgggcacggtgctcacacccctgtaatcccagcactttggg 4860
Qy   4861 AGGCCGAGGCGGGCGGATCAAGGTCAGGAGTTCGAGACCAGCCTGACCAACATGGTGAA 4920
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4861 aggccgaggcgggcggatcaaggtcaggagttcgagaccagcctgaccaacatggtgaa 4920
Qy   4921 ACCCGTCTCTAAAAAATACAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGCGCACGCCTGTAGTCCCA 4980
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4921 acccgtctctaaaaaatacaaaaattagctgggcgtggtgcgcacgcctgtagtcccca 4980
Qy   4981 GCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGAGAATCGCTTGAACCTGGGAAGGCGGAAGTTGCACTGA 5040
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4981 gctaattggaaggctgaggcaggagaatcgcttgaacctgggaaggcggaagttgcactga 5040
Qy   5041 GCCAAGATCGCGCCCACTGCACTCCAGCCTGGGCGACAGAGTGAGACTTCCATCTTAAAAAA 5100
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5041 gccaagatcgcgcccactgcactccagcctgggcgacagagtgagactccatctaaaaaa 5100
Qy   5101 AAAAAAAAAAAAAGAGAATTCAGAGATCTCAGCTATCATCATGAATACCAGGACAAA 5160
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5101 aaaaaaaaaaagagaatttcagagatctcagctatcatcatgaataccaggacaaa 5160
Qy   5161 ATATCAAGTGAGGCCACTTATCAGAGTAGAAGAATCCTTTAGGTTAAAAGTTTCTTTCAT 5220
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5161 atatcaagtgaggccacttatcagagtagaagaatccttaggttaaaagtttcttcat 5220
Qy   5221 AGAACATAGCAATAATCACTGAAGCTACCTATCTTACAAGTCCGCTTCTTATAACAATGC 5280
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5221 agaacatagcaataatcactgaagctaccctatctgaagtcctccacagtccatactataacaatgc 5280
Qy   5281 CTCCTAGGTTGACCCAGGTGAAAGTGAAGTTCCAGGTATGTTTTTTTTCTGAAAAGGGTATTTTCCCTCC 5340
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5281 ctcctaggttgacccaggtgaaagtgaagttccatttcttaatcatttcaatgcacataa 5340
Qy   5341 AGGGCAATTTATCTATCAGAACAACAAAGAACATGGTAACAGATATGTATAATTTACATGTG 5400
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5341 agggcaatttatctatcagaacaacaaagaacatgggtaacagatatgtattttacatgtg 5400
Qy   5401 AGGAGAACAAGCTGATCTGCTCTCCAAGTGACACTGTTTAGAGTCCAATCTTAGG 5460
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5401 aggagaacaagctgatctgctctccaagtgacactgtgttagagtccaatcttagg 5460
Qy   5461 ACACAAATGGTTCTCTCTCTAGCTTGTTTTTTTCTGAAAAGGGTATTTTCCTTCCTCC 5520
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5461 acacaaatggtctctctctagctgctgttttttctgaaaagggtatttcctcctcc 5520
Qy   5521 AACCTATAGAAGGAAGTGAAAGTTCCAGTTCCAGTTCCGGCGTAAAACAGATCCCCTCTC 5580
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5521 aacctatagaaggaagtgaaagttccagttccaggttccggcgtaaacagatccccctctc 5580
Qy   5581 CTCATCCTTCCTCTTTCTGCTCAAGTCGCCTCCCTTTGGTGAAGGTCACACATCATGTGACC 5640
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5581 ctcatccttcctcttttctgctcaagtcgcctccctttggtgaaggtgacacatcatgtgacc 5640
Qy   5641 TCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGGGCCTTGGCGGTCTACCCCAGAACATCACCATG 5700
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5641 tcttcagtgaccactctacggtgtcgggcctggcggtctaccccagaacatcaccatg 5700
Qy   5701 AAGTGGCTGAAGGATAAGCAGCCAATGGATGAGTTCGACAAGGGAGTTCGAACCTAAAGACGTATTG 5760
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5701 aagtggctgaaggataagcagccaatggatgagttcgacaagggagttcgaacctaaagacgtattg 5760
Qy   5761 CCCAATGGGATGGGACCTACCAGGCTGGATAACCTTGGCGTGTACCCCTGGGAAGAG 5820
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

us-09-497-957-3.rng

```
Qy 6901 AATGTGTTGTTAAGAAGTTAGAGAGGTGAGGAGACCAGTGAGGAGAGAAATAAGCAT 6960
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 6901 aatgtgttgttaagaagttagagaggtgaggagaccagtgaggagagaaataagcat 6960

Qy 6961 TCCAGAATGAGAGATAATGGTTCTGAAATCCAATAGTGCCCAGGTCTAAATTGAGATGG 7020
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 6961 ttccagaatgaggagataatggttcttgaaatccaatagtgcccaggtctaaattgagatgg 7020

Qy 7021 GTGAATGAGGAAAATAAGGAAGGAAGAGAGCAAGATGGTTGCCTAGGTTTGTGATGCCT 7080
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 7021 gtgaatgaggaaaataaggaaggaagagagcaagatggttgcctaggtttgtgatgcct 7080

Qy 7081 CTTTCCTGGGTCTCTTGTCTCCCACAGAGGAGGAGCCATGGGGCACTACGTCTTAGCTGAACG 7140
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 7081 ctttccgggtctctgtctccacaggaggagccatggggcactacgtcttagctgaacg 7140

Qy 7141 TGAGTGACACGGCAGCCTGCAGACTCACTGTGGGAAGGAGACAAAACTAGAGACTCAAAGA 7200
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 7141 tgagtgacacggcagcctgcagactcactgtgggaaggagacaaaactagagactcaaaga 7200

Qy 7201 GGGAGTGCCATTTATGACCTCTTCATGTTCAGGAGAGAGTTGAACCTAAACATAGAAATT 7260
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 7201 gggagtgcatttatgagctcttcatgtttcaggagagagttgaacctaaacatagaaatt 7260

Qy 7261 GCCTGACGAACTCCTTGATTTTAGCCTTCTCTGTTCATTTCCTCAAAAAGATTTCCCCAT 7320
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 7261 gcctgacgaactccttgatttttagcctcctgtctcattttcctcaaaaagatttccccat 7320

Qy 7321 TTAGGTTTCTGAGTTCCTGCATGCCGGTGATCCCTAGCTGTGACCTCCCCTGGACTG 7380
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 7321 ttaggtttctgagttcctgcatgccggtgatcccgtgacctccctggaactg 7380

Qy 7381 TCTCTCATGACCTCAAGCTGCCATCTAGAGGCTTCCTTCATTTCCTCCGTCACCTCAGAG 7440
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 7381 tctctcatgacctcaagctgcatctagagctcattgctcattcctcccgtcacctcagag 7440

Qy 7441 ACATACACCTATGTCATTTCATTCAATCCTATTTTCCTATTTTGGAAGAGGACTCCTATTTTGGGGGA 7500
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 7441 acatacacctatgtcatttcattccattcctatttctggaagaggactcctaaattggggga 7500

Qy 7501 CTTACAGTGATTCATTTAACATCTGAGAAAAGCTTTGAAACCCTGGGACGTGGCTAGTCAT 7560
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 7501 cttaacatgattcattttaacatctgagaaaagctttgaaacccctgggacgtggcagtcat 7560

Qy 7561 AACCTTACCAGATTTTTACACCATGTATCTATGCATTTCTGGACCCGTTCAACTTTTCCT 7620
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 7561 aaccttaccagattttttacacatgtatctatgcattttctggaccgttcaacttttcct 7620

Qy 7621 TTGAATCTTCTCTGTTACCCAGTAACTAACTCTCCATCATCTGTCACCAAGCCTTGGGGATTCTTC 7680
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 7621 ttgaatcctctctgtttaaactcgtaactaatccatcctgtcaccaagcctgggattcttc 7680

Qy 7681 CATCTGATTGTGATGTGAGTGCACAGCTATGACAGGCTATGAGAGGCTGCACTGCACGAATGGAAGAG 7740
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 7681 catctgattgtgatgtgagtgcacagctatgagaggctgcacactgcacgaatggaagag 7740

Qy 7741 GCACCTGTCCCAGAAAAAAGCATCATGGCTATCTGTGGGTAGTAGTATGTGTTTTTAGC 7800
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 7741 gcacctgtcccagaaaaagcatcatggcctatctgtgggtagtagtatctggatggtgttttttagc 7800

Qy 7801 AGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGGTTGTGAAGAGGGTGTTTTTCTAATTGGCATGA 7860
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 7801 aggtaggaggcaaatatctgaaaggggtgtgaagaggtgttttctaattggcatga 7860

Qy 7861 AGGTGTCATACAGATTGCAAAGTTAATGGTGCCTTCATTTGGGATGCTACTCTAGTAT 7920
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 7861 aggtgtcatacagattgcaaagttaatggtgccttcattgggatgctactctagtat 7920

Qy 7921 TCCAGACCTGAAGAATACAGAATTCACACAATAATTTCTACCTGGCTCTCCTGTTCCTGTTCTGATAATGAAA 7980
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 7921 tccagacctgaagaatcacaatatttctacctggctctcctgttcctgtgtataatgaaa 7980
```

```
Qy 7981 ATTATGATAAGGATGATAAAAGCACTTACTTCGTGTCCGCACTCTTCTGAGCGACCTACTTA 8040
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 7981 attatgataaggatgataaaagcacttacttcgtgtccgactcttctgagcgacctactta 8040

Qy 8041 CATGCATTACTTCGATGCCCACTCTTCTTACAATAATTCTATGAGATAGGTACTATTATCCCCAT 8100
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 8041 catgcattacgtcatgcactcttccacaataattcatgagataggtactattatcccat 8100

Qy 8101 TTCTTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGTGAAGAGAGCACGGTGGCTGGCTCACGCCTGTAATCCC 8160
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 8101 ttcttttttaaatgaagaaagtgaagtggcacgtggctggctcacgcctgtaatccc 8160

Qy 8161 AGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGGTGGATCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCCTGGC 8220
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 8161 agcactttggggaggccaaaggccccaaagcggggtggatcacgaggtcaggagatcgagaccatcctggc 8220

Qy 8221 TAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGCAG 8280
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 8221 taacatggtgaaaccccatctctaataaaaatacaaaaaattagctgggcgtggtggcag 8280

Qy 8281 ACGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGGAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCATGAACCCAGGAGG 8340
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 8281 acgcctgtagtcccagctactcggggaggctgaggcaggagaatggcatgaacccaggagg 8340

Qy 8341 CAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGATTGCGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGACAGAGTGAGA 8400
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 8341 cagagcttgcagtgagccgagattgcgccactgcactccagcctgggtgacagagtgaga 8400

Qy 8401 CTCCATCTCAAAAAAATAAAAATAAAAATAAAAAATGAAAAAAAAAGTGAAGTA 8460
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 8401 ctccatctcaaaaaaataaaaataaaaataaaaaatgaaaaaaaagaaagtgaagta 8460

Qy 8461 TAGAGTATCTCATAGTTGTGCAGTGATAGAAACAGGTTTCAAACTCAGTCAATCTGACCG 8520
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 8461 tagagtatctcatagttgtcagtgataagaaacaggttcaaactcaatctgaccg 8520

Qy 8521 TTTGATACATCTCAGACACTACCATTCAGTAGTTTAGATGCCTAGAATAAATAGAGAA 8580
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 8521 tttgatacatctcagacaccaccattcagtagttagatgcctagaataaatagagaa 8580

Qy 8581 GGAAGGAGATGGCCTCTTCTCTGTGTTCTTCCTGAGTTGAGCTTGAATCACAT 8640
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 8581 ggaaggagatggcctcttctctgtgttttctgagttgagcttgaatcacat 8640

Qy 8641 GAAGGGAACAGCAGAAACAGCAAACCAACTGATCCCTCAGCTGTCATGTTTCCTTTAAAAGTC 8700
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 8641 gaagggaacagcagcagaaaacagcaaactgatccccagctgtcatgttcctttaaaagtc 8700

Qy 8701 CCTGAAGGAGGTCCTGGAATGGCACTCCCTGTCCTCCTGTTGCTGTCTGCTGCATTCA 8760
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 8701 cctgaaggaggtcctggaatggcactccctgtcctcctgttgctgtcttggcattca 8760

Qy 8761 TTTCTTTGGACCCTACGCAAGGACCTGCACAGCTGTAATTGGTGGGGACAGCTCGGGGC 8820
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 8761 tttcttggacccctacgcaaggacctgcacagctgtaattggtggggacagctagtggccctgctgggc 8820

Qy 8821 TTCACACGGTGTCCCTCCCTAGGCCAGCCAGTGCCTCTGGAGTTCAGAACTCTGTGTATTTC 8880
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 8821 ttcacacggtgtccctccctaggccagccagtgcctctggagtcagaactctggtatttc 8880

Qy 8881 CCTCAATGAGGAGTGGAGTAAGCTCTCTCATTTTGAGATGGTATAATGGAAGCCACCAAGTG 8940
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 8881 cctcaatgaggagtgggaagtaagctctctcatttgagatgtataatggaagccaccaagtg 8940

Qy 8941 GCTTAGGACGATGCCCAGGTCCTTCCATGGAGCCCACTGGCGGTTCCGGTGCACATTAAAAA 9000
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 8941 gcttagaggatgccccaggtccttccatggagccactgggtcacattaaaaaa 9000

Qy 9001 AAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCTAGATTCTGGGAAATCAGTTCCACCATGTTCA 9060
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 9001 aaatctaaccaggacattcaggaattgctagatctgggaaatcagttccaccatgttca 9060

Qy 9061 AAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTGAGACTCTATTGCCCAGGCTGGAGTGCCAGGCTGCATGAT 9120
```

```
Db   9061  aagagtctttttttttttttgagactcattgccaggctggagtgcaatggcatgat  9120
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Qy   9121  ctccggctcactgtaacctctgccctcccaggtccagcgattcctgctccagcctccca  9180
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9121  ctcggctcactgtaacctctgccctcccaggtcaagcgattcctgcctccagcctccca  9180

Qy   9181  agtagctgggattacaggcgtgcaccaccatgcccggctaattttgtattttagtaga  9240
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9181  agtagctgggattacaggcgtgcaccaccatgcccggctaattttgtattttagtaga  9240

Qy   9241  gacagggtttcaccatgttggccaggcgtggtctcgacctcctgacctcgtgatccgcc  9300
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9241  gacagggtttcaccatgttggccaggctggtctcgacctcctgacctcgtgatccgcc  9300

Qy   9301  tgcctcggcctcccaaagtgctgagattacaggtgtgagccaccctgcccagccgtcaaa  9360
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9301  tgcctcggcctcccaaagtgctgagattacaggtgtgagccaccctgcccagccgtcaaa  9360

Qy   9361  agagtcttaatatatatatcccagatggcatgtgtttacttactacatgcacttg  9420
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9361  agagtcttaatatatatatcccagatggcatgtgttactttatgttactacatgcacttg  9420

Qy   9421  gctgcataaatgtggtacaagcattctgtcttgaaggcaggtgcttcaggataccatat  9480
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9421  gctgcataaatgtggtacaagcattctctgtcctgaaggtgcttcaggataccatat  9480

Qy   9481  acagctcagaagtttcttcttttaggcattaaattttagcaaagatatctcatcctctctt  9540
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9481  acagctcagaagtttcttcttttaggcattaaattttagcaaagatatctcatcctcctct  9540

Qy   9541  ttaaaccatttctctttttgtggttagaaaaagtatgtagaaaaaagtaaatgtgattt  9600
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9541  ttaaaccatttctcttttttgtggttagaaaagtatgtagaaaaaagtaaatgtgattt  9600

Qy   9601  acggctcattgtagaaaaatgatataaaagctgtgtttattaattaaggcagctaaaatgtaatgcag  9660
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9601  acggtcattgtagaaaagtaaaatgataataccactgaattaattaaggtaatgtgattt  9660

Qy   9661  tgaaaacattaacaacttgtcattacctgttagtattattgttgcattaaaaatgca  9720
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9661  tgaaaacattaacaacttgtcattacctgttagtattattgttgcattaaaaatgca  9720

Qy   9721  tatactttgtatataactttgtcattttgtcatttattcgcatcgtattcatttattcttgaagttcttgttc  9780
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9721  tatactttaataaatgtatattgtattgtattatacgcatgatttattgaagttcttgttc  9780

Qy   9781  atcttgtgtatataacttaatcgctttgtcatttggagacacatttatttttgcttctaattt  9840
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9781  atcttgtgtatatacttaatcgcttttgtcatttggagacatttattttttgcttctaatttt  9840

Qy   9841  cttttacattttgtcttacggaatatttcattcaactgtggtagccgaattaatcgtgtt  9900
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9841  ctttacatttgtcttacggaatatttcattcaactgtggtagccgaattaatcgtgtt  9900

Qy   9901  tcttcactcactggacaattcgctctaagtgtgtgaagacattgtgtagaacacaaac  9960
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9901  tcttcactccatggacaattcgtctaagtgtcgtaagacattgtatttttaccagcaaac  9960

Qy   9961  cattttgaaagcatatgacaaattattttctccttaatatcttaatatcttactatactactgaaagcaga  10020
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9961  cattccatggaaagcatatgacaaatattattttcactactaatcttaatatctatactgaaagcaga  10020

Qy  10021  ctgctataaggcttcacttactcttctacctcataaggaatatgttacaattaattttatt  10080
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10021  ctgctataaggcttcactactcttctacctcataaggaatatgttacaattaattttatt  10080

Qy  10081  aggtaagcattgttgtttattttgtttattttattttttatcgtggctgagaatcaagaaaaacc  10140
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10081  aggtaagcattgtttatttttttatttcacctgggctctgagatttcaagaaaaacc  10140

Qy  10141  ccagtcttcacagtaacacatttcactaacacatttactaacacatctaaacatcagcaactgtggcct  10200
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db  10141  ccagtcttcacagtaacacatttcactaacacatttactaacacatcagcaactgtggcct  10200
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Qy  10201  GTTAATTTTTAATAGAAATTTAAGTCCTCATTTTCTTCGGTGTTTTTAAGCTTAA  10260
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10201  gttaatttttaatagaaatttaagtcccatttctttcggtgtttttaagcttaa  10260

Qy  10261  TTTTTCGGCTTATTCATAAATTCTTAAGTCAACTACATTTGAAAAATCAAAGACCTG  10320
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10261  tttttcggcttattcataaattcttaaggtcaactacatttgaaaaatcaaagacctg  10320

Qy  10321  CATTTAAATTCTTATTCACCTCTGGCAAAACCATTCACAAACCATGGTAGTAAAGAGAA  10380
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10321  catttaaattcttattcacctctggcaaaaccatcacaaaccatggtagtaaagagaa  10380

Qy  10381  GGGTGACACCTGTGGCCATAGGTAAATGTACCACGTGGTCCGGTGACCAGAGATGCAG  10440
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10381  gggtgacacctgtggccataggtaaatgtaccacgtggtcccggtgaccagagatgcag  10440

Qy  10441  CGCTGAGGGTTTCCTGAAGTAAAGGAATAAAGAATGGGTGGAGGGGCGTGCACTGGAA  10500
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10441  cgctgagggtttcctgaggtaaaggaataaagaatggggtggagggcgtgcactggaa  10500

Qy  10501  ATCACTTGTAGAGAAAAGCCCCTGAAAATTTGAGAAAACAAACAAGAAACTACTTACCAG  10560
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10501  atcacttgtagagaaaagccccctgaaaatttgagaaaacaaacaagaaactacttaccag  10560

Qy  10561  CTATTTGAATTGCTGGAATCACAGGCCATTGCTGAGCTGCCTGAACTGGACAACACAG  10620
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10561  ctattttgaattgctggaatcacaggccattgaatcacaggccattgcctgaactgggacacaacag  10620

Qy  10621  AAGGAAAACAAACCACTCTGATAATAACTCTTATGTGTGATTATTAATAATGTCATCTTATAAATACTGT  10680
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10621  aaggaaaacaaaccactctgataatcctgtataatcattggagtcaggctgttgatggactgc  10680

Qy  10681  TGGAGGTACAGGCCAAAATTCTTCACAAACTCACAAAACTGTAAAAACACTGTCTC  10740
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10681  tgagaggtacaggccaaaattcctcatgtgttgttattattaatgtcatcttataatactgt  10740

Qy  10741  CAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAAACTCACAAACTGTAAAAACAAAACACTGTCTC  10800
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10741  cagtatttttataaaacattccttcaacactcacaacacatttaaaaacaaaacaactgctctc  10800

Qy  10801  TAAAATCCCCAAATTTTTCATAAAC  10825
           |||||||||||||||||||||||||
Db  10801  taaaatccccaaatttttcataaac  10825
```

```
FT   intron          4916..5124
FT                   /number= 2
FT   exon            5125..5400
FT                   /*tag= d
FT                   /*tag= e
FT   intron          5401..6493
FT                   /*tag= f
FT                   /number= 3
FT   exon            6494..6769
FT                   /*tag= g
FT                   /number= 4
FT   intron          6770..6927
FT                   /*tag= h
FT                   /number= 4
FT   exon            6928..7041
FT                   /*tag= i
FT                   /number= 5
FT   intron          7042..7994
FT                   /*tag= j
FT                   /number= 5
FT   exon            7995..9050
FT                   /*tag= k
FT                   /number= 6
FT   intron          9051..10205
FT                   /*tag= l
FT                   /number= 6
FT   exon            10206..10637
FT                   /*tag= m
XX
PN   WO200058515-A1.
XX
PD   05-OCT-2000.
XX
PF   24-MAR-2000; 2000WO-US07982.
XX
PR   26-MAR-1999; 99US-0277457.
XX
PA   (BILL-) BILLUPS-ROTHENBERG INC.
XX
PI   Rothenberg BE,  Sawada-Hirai R,   Barton JC;
XX
DR   WPI; 2000-64744/62.
XX
PT   Diagnosing an iron disorder e.g. hemochromatosis or a genetic
PT   susceptibility to develop it, by determining the presence of a mutation
PT   in exon 2 or an intron of a histocompatibility iron loading nucleic
PT   acid -
XX
PS   Example 1; Page 21-28; 55pp; English.
XX
CC   The present sequence represents the human histocompatibility iron
CC   loading (HFE) gene. The HFE gene is a major histocompatibility (MHC)
CC   non-classical class I gene located on chromosome 6p. Mutations in the
CC   gene lead to iron disorders. The specification describes a method for
CC   diagnosing an iron disorder or a genetic susceptibility to develop the
CC   disorder in a mammal. The method comprises determining the presence of
CC   a mutation in exon 2 or an intron of a HFE gene or protein. The mutation
CC   is not a C to G missense mutation at nucleotide 187 of the sequence
CC   given in A96769 (Genbank Accession number U60319). The presence of the
CC   mutation indicates the disorder or the genetic susceptibility to the
CC   disorder. The method is used to diagnose an iron disorder
CC   e.g. haemochromatosis, or a genetic susceptibility to develop it.
XX
SQ   Sequence 12146 BP; 3383 A; 2474 C; 2911 G; 3378 T; 0 other;

Query Match             99.4%;  Score 10760.2;  DB 21;  Length 12146;
Best Local Similarity   99.9%;  Pred. No. 0;
Matches 10813;     Conservative   0;  Mismatches   0;  Indels   8;  Gaps   4;
```

```
Db      889 tctaaggttgagataaaattttaaatgtatgatgatgaatttgaaaatcataaatattta    948
            ||||||||||||| ||||| || |||||||||||||||||||||||||||||||||||| 
Qy       61 AATATCTAAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTTCCCCATCAACAACACACCCT    120
            |||||||||||| |||||||||||||||||||| |||||||||||||||| || |||||
Db      949 aatatctaaagttcagatcagaacattgcgaagctactttccccatcaacaacaccccct   1008

Qy      121 TCAGGATTTAAAAACCAAGGGGACACTGGATCACCTAGTGTTTCACAAGCAGTACCTT    180
            |||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1009 tcaggatttaaaaaccaaggggacactggatcacctagtgtttcacaagcaggtacactt   1068

Qy      181 CTGCTGTAGGAGAGAGAAGTTCTGAAAGACCTGTTGCTTTTCACCAGGAAGTT    240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||| |||
Db     1069 ctgctgtaggaggagagagaactaaagttctgaaagacctgttgctttttcaccaggaagtt   1128

Qy      241 TTACTGGCATCTCCTGAGCCTAGGCAATAGCTGTGTAGGGTGACTTCTGGAGCCATCCCG    300
            ||||| |||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1129 ttactgggcatctcctgagcctaggcaatagctgtgtagggtgacttctggagccatccccg   1188

Qy      301 TTTCCCGCCCCCAAAAGAAGCGGAGATTTAACGGGACGTGCGGCCAGAGCTGGGGAA    360
            |||||||| |||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1189 tttcccgcccccaaaagaagcggagatttaacgggacgtgcggccagagctggggaa   1248

Qy      361 ATGGGCCCGGAGCCAGGCCGGCGCTTCTCCTCTCGATGCTTTTGCAGACCGCCGTCCTG    420
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||
Db     1249 atgggcccggagccaggccggcgcttctcctctcgatgctttttgcagaccgccgtcctg   1308

Qy      421 CAGGGGCGCTTGCTGCGTGAGTCCGAGGGCTGCGGCGAACTAGGGCGCGCGGGGGTG    480
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1309 cagggcgcgcttgctgcgtgagtccgagggctgcggcgaactagggcgcgcggggggtg   1368

Qy      481 GAAAATCGAAACAGCTTTTCTTGCGCTTGGGAGTTTGCTAACTTTGGAGGACCTGC    540
            |||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1369 gaaaatcgaaactagctttttcttgcgcttgggagtttgctaactttggaggacctgc   1428

Qy      541 TCAACCCTATCCGCAAGCCCCTCCTCCCTACTTTCGCGTCCAGACCCCGTGAGGGAGTGC    600
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1429 tcaacccatccgcaagcccctcctccctacttttcgcgtccagacccccgtgagggagtgc   1488

Qy      601 CTACCACTGAACTGCAGATAGGGGTCCTCGCCCCAGGACCTGCCCCTCCCCGGCTGT    660
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1489 ctaccactgaactgcagatagggtcccccgcccccaggacctgcccctccccccggctgt   1548

Qy      661 CCCGGCTCTGCGGAGTGACTTTTGGAACCGCCGCCCACTCCCTTCCCCAACTAGAATGCTTT    720
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1549 cccggctctgcggagtgactttttggaaccgccgccccactcccccaactagaatgcttt   1608

Qy      721 TAAATAAATCTCGTAGTTCCTCACTTGAGCTGAGCTGAGCTGAGTCCTTGAACCTGG    780
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1609 taaataaatctcgtagttcctcacttgagctgagctgagctcctgaacctgg   1668

Qy      781 AACTGGGTTTATTCCAATGTCAGCTGTGCAGTTTTTCCCCAGTGCATCTCCAAACAGG    840
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1669 aactcgggtttatttcccatgtcagctgtgcagtttttcccccagtgcatctccaaaacagg   1728

Qy      841 AAGTTCTTCCCTGAGTGCTGCCGAGAAGGCTGAGCAAACCCACCAGCAGGATCCGCACGG    900
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1729 aagttcttccctgagtgctgccgagaaggctgagcaaacccaccagcaggatccgcacgg    1788

Qy      901 GGTTTCCACCTGCAACGAACGAATGCGTGGGGCGGTGGGGCCGCGGAAAGAGTGGCGTTGGGGA    960
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1789 ggtttccacctgcaacgaacgaatgcgtgggggcggtggggccgcggaaagagtggcgttggggga   1848

Qy      961 TCTGAATTCTTCACCATTCCACCCACCTTTGGTGAGACCTGGGGTGGAGGTCTCTAGGGT    1020
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1849 tctgaattcttcaccattccaccccacctttggtgagacctggggtgggagtctctaggggt   1908

Qy     1021 GGGAGGCTCCTGAGAGAGGCCTACCTCGGCCTTCCCGGCCTTTCCCGGCCGCAATTGTCTTTT    1080
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1909 gggaggctcctgagagaggcctacctcgggcctttccccactcttggcaatgttcttttt   1968

Qy     1081 GCCTGGAAAATTAAGTATATGTTAGTTTTGAACGTTGAACTGAACAATTCTCTTTTCGG    1140
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1969 gcctggaaaattaagtatatgttagtttttgaactgtgaactgaacaattctctttcgg    2028

Qy        1 TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTAAATGTATGATTGAATTTGAAAATCATAAATATTTA    60
            |||||||||||
```

```
Qy   1141  CTAGGCCTTTATTGATTTGCAAATCGTCTGTGTAATTAAGAGGCCTTCTCTACAAAGTACTGA  1200
           ||||||| ||||||||||||| | |||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||
Db   2029  ctaggccttattgattgcaatgtgctgtgtaattaagaggcctctcacaaagtactga      2088

Qy   1201  TAATGAACATGTAAGCAATGCACTCACTTCTAAGTTACACTTCATATCTGATCTTATTTGA   1260
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||
Db   2089  taatgaacatgtaagcaatgcactcacttctaagttacacttcatatctgatccttatttga  2148

Qy   1261  TTTTCACTAGGCATAGGGAGGTAGGAGCTAATAATACGTTTATTTTACTAGAAGTTAACT   1320
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2149  tttcactaggcataggggaggtaggagctaataatacgtttattttactagaagttaact    2208

Qy   1321  GGAATTCAGATTATATAACTCTTTTCAGTTACAAAGAACATAAATAATCTGTTTTCTG    1380
           ||||||||||||| |||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||
Db   2209  ggaattcagatttatataacctcttttcagttacaaagaacataaataatctgtttttctg   2268

Qy   1381  ATGTTATTTCAAGTACTACAGCTGCTTCTAATCTTAGTTGACAGTGATTTTGCCCTGTAG   1440
           |||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||
Db   2269  atgttattcaagtactacagctgcttctaatcttagttgacagtgattttgccctgtag     2328

Qy   1441  TGTAGCACAGTGTTCTGTGGGTCACACGCCGGCCTCAGCCACAGCACTTTGAGTTTTGGTA  1500
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2329  tgtagcacagtgttctgtgggtcacacgccggcctcagccacagcactttgagttttggta   2388

Qy   1501  CTACGTGTATCCACATTTTACACATGACACAGAATGAGGCATGGCACGGCCTGCTTCCTGG  1560
           |||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2389  ctacgtgtatccacatttacacatgacacagaatgaggcatggcacggcctgcttcctgg    2448

Qy   1561  CAAATTTATTCAATGGTACACTGGGCTTTGGTGCCAGAGCTCATGTCTCCACTTCATAGC   1620
           ||||||||||||||||||||| |||||| ||| |||||||||||||||||| |||||||||
Db   2449  caaatttattcaatggtacacggggcttggtggcagagctcatgtctcccacttcatagc    2508

Qy   1621  TATGATTCTTAAACATCACACTGCATTAGAGGTTGAATAATAAAATTTCATGTTGAGCAG   1680
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2509  tatgattcttaaacatcacactgcattagaggttgaataataaaatttcatgttgagcag    2568

Qy   1681  AAATATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGTCCAGCCATGTGTTGCACTGTTCAAGCCC    1740
           ||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2569  aaatattcattgttacaagtgtaaatgagtccagccatgtgttgcactgttcaagccc     2628

Qy   1741  CAAGGGAGAGCAGCAGGGAAACAACAGTCTTTACCCTTGATATTTGCATTCTAGTGGGAGA  1800
           |||||||||||||||||| ||||||||| |||||||||||||| |||||||||||||||||
Db   2629  caagggagagcagcaggggaaacaagtcttttaccctttgatattttgcattctagtgggaga  2688

Qy   1801  GATGACAATAAGCAAAGAGCAGAAAGATATACAACATCAGGAAATCATGGGTGTTGTGA    1860
           |||||||||||||||| ||||||||  ||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2689  gatgacaataagcaaatgagcagaaaatatacaacatcaggaaatcatgggtgttgtga    2748

Qy   1861  GAACCAGAGAACTCAGGGCAAGTCACTCTCTGGGCCTGACACTTGAGCAGACATGAGGA   1920
           |||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||
Db   2749  gaaccagagaagtcagggcaagtcactctctgggcctgacacttgagcagacatgaagga   2808

Qy   1921  AATAAGAATGATATTGACTGGGAGCAGTATTTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCCTGGCAAG  1980
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2809  aataagaatgatattgactgggagcagtatttcccaggcaaactgagtgggcctggcaag   2868

Qy   1981  TTGGATTAAAAAGCGGGTTTTCTCAGACTACTCAGTGTGTGTGTGTGTGTG-GGGGGGGGG  2040
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||  |||||||||
Db   2869  ttggattaaaaagcgggttttctcagactactcagtgtgtgtgtgtgtgt-ggggggggg   2927

Qy   2041  CGGCGTGGGGTGGGAAGGGGAAGGGGACTCACTCTAGGATGTCTAGCAGTATCCTGT     2100
           |||||||||||||||||| |||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2928  cggcgtggggtgggaagggggaagggggactcactctaggatgtctagcagtatcctgt    2987

Qy   2101  CCTCCCTACTTCACTAGGTGCTAGGAGCACTCCCCCAGTCTTGACAACCAAAAATGTCTCT  2160
           |||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||| |||||||||
Db   2988  cctccctacttcactaggtgctaggagcactccccccagtcttgacaaccaaaatgtctct   3047

Qy   2161  AAACTTTGCCACATGTCACCTAGTAGACAAAACTCCTGGTTAAGAACTCTCGGTGAAAAA   2220
           ||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||| |||| |||||||||
Db   3048  aaactttgccacatgtcacctagtagacaaactcctggttaagaagctcggttgaaaaa    3107

Qy   2221  AATAAACAAGTAGTGCTGGGGAGTAGAGGCCAAGAGAGTAGTGTAATCGGCTCAGAAGAGGA  2280
           ||||||||||||||||||||||||||||  ||||||||| |||| ||||||||||||||||
Db   3108  aataaacaagtagtgctggggagtagagagagccaagagaagtaatggctcagaagagga   3167

Qy   2281  GCCACAAACAAGTTGTGCAGGCGCCTGTAGGCTGTGGTGTGAATTCTAGCCAAGAGTA    2340
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||| |||
Db   3168  gccacaaacaagttgtgcaggcgcctgtaggctgtggtgttgaattctagccaaggagta   3227

Qy   2341  ACAGTGATCTGTCACAGGCTTTTAAAAGATTGCTCTCGCTGCTCATGTGGAAAGCAGAATG  2400
           ||||||||||||||||||||| ||||| || |||| |||||||||||||| |||||||||||
Db   3228  acagtgatctgtcacaggcttcacaggctctcggctgctcatgtgggaaagcagaatg     3287

Qy   2401  AAGGGAGCAACAGTAAAAGCAGGGAGCCCAGCCAGCAAGCTGTTACACAGTGTCCAGGCAAG  2460
           |||||||||||||||||||||||| |||||||||||||| |||||||||||| ||||||||||
Db   3288  aagggagcaacagtaaaagcaggagcccagccagcaaagctgttacacagtccaggcaag    3347

Qy   2461  AGGTAGTGGAGTGGGCTGGGTGGGAACAGAAAAGGAGTGACAAACCATTGTCTCCTGAA   2520
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3348  aggtagtggagtgggctgggtgggaacagaaaaggagtgacaaaccattgtctcctgaa    3407

Qy   2521  TATATTCTGAAGGAGAGTTGCTGAAGGATTCTATGTTGTGTGAGAGAAGAGAAGAATTGG   2580
           ||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||
Db   3408  tatattctgaaggaggtttgctgaaggattctatgttgtgtgagaggaagaattgg       3467

Qy   2581  CTGGGTGTAGTAGCTCATGCCAAGGAGGCCAACACAGCAGAAAACCCTTCTCTACAAAAAATACAAAATTA  2640
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||| |||||||||||||| ||||||||
Db   3468  ctgggtgtagtagctcatgccaaggaggccaacacagcaaaacccctctctacaaaaatacaaaatta     3527

Qy   2641  GTTCAAGACCACCAGCCTGGGCAACAAGACAGCAGCAAAACCCCATCCGGGAGGCAGAGTTCCTGAGCTCAGGA  2700
           |||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||| |||  |||||||| ||||||  |||||| ||||
Db   3528  gttcaagaccaccagcctgggcaacaacagcaaaacccctccctcggggaggctgaggcaggagga          3587

Qy   2701  GCTGGGTGTGGTGGCATGCACCTGTATCCTAGCTACTCGGGAGGCTGAGGTGGAGGGTA   2760
           |||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3588  gctgggtgtggtggcatgcacctgtatcccagctactcgggaggctgaggtggagggta    3647

Qy   2761  TTGCTTGAGCCCAGGAGTTGACGGCTGCAGTGAGCCGATGACTGTGCCACTGTACTTCAGC  2820
           ||||||||||||||||||||| | ||||||||||||| |||||  |||| ||| |||||||
Db   3648  ttgcttgagcccaggagttgagctgcagtgagccatgacatgcgcactgctgcctacttcagc  3707

Qy   2821  CTAGTGACAGAGCAAGACAAGACCCTGTCTCCCCTGACCCCTGAAAAAGAGAAGAGTTAAAGT  2880
           |||| ||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3708  ctaggtgacagagcaagaccaagaccctgtctcccctgacccctgaaaaagagaagagttaaagt  3767

Qy   2881  TGACTTGTCTTTATTTTAATTTATTGGCCTGAGCAGTGGGGTAATTGGCAATGCCAT    2940
           ||||||| |||||||| |||| |||||||||||||||||  |||||||||| ||||||
Db   3768  tgacttgttctttatttttatttattggcctgagcagtggtaattggccaatgccat     3827

Qy   2941  TTCTTGAGATGGTGAAGGCAGTAGAGAGCAGTTTGGGTAAATCAAGGATCTGCATTTG   3000
           | || |||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||
Db   3828  tcctgagatggtgaaggcagtagagagcagtttgggtaaatcaaggatctgcatttt-   3886

Qy   3001  GGACATGTTAAGTTGAGATTGGAGTTTCCAGTCAGTGGTGAGGCCTTCCAAGTGGTCCACTAGGCAGTT  3060
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||| |||||||
Db   3887  ggacatgttaagttgagattggagtttccagtcagtggtgaggcttccaagtggtccacatgggcagtt    3946

Qy   3061  CAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGGCACCGTGGGCTGGGTAATTGGGCACTTCTGTAATCCCAGCACT  3120
           ||||||||||||||||||||||||||||||||| || ||||| ||||||||| |||||||||||||||||||
Db   3947  cagtgtaagaattcaggaccaaggctgggcacgtggctggtcacttctgtaatcccagcact            4006

Qy   3121  TTGGTGGCTGAGGCAGGCAGTAGATCCATTGGAGGTCAGTAGTTTGAGACCAGCTTGGCCCAACA  3180
           ||||||||||||||||||||||||||||||  |||||||||||||||||||||||||||| |||||
Db   4007  ttggtggctgaggcaggcaggtagatccattcattggaggtcagtagtttgagaccagcttggccaaca   4066

Qy   3181  TGGTGAAACCCCATGTCTACTAAAAATACAAAAAATTAGCCCTGGGGCACGGCT       3240
           |||||||||| ||||||||||||||| ||||||| |||||||||||| |||||| |||
Db   4067  tggtgaaacccatgtctactaaaatacaaaaattagccctgggcacggcacgggcct     4126

Qy   3241  ATAGTGCCCAGGTTTCAGGAGGCTAGGAGGAATCCCTTGAACCCCAGGAGGTGAGG    3300
           ||||| |||||||| ||||||||||||||||||||| |||||||| |||||||| ||
Db   4127  atagtcccaggttttcaggaggctaggaggaatccttgaacccaggaggtgcagg      4186

Qy   3301  TTGCAGTGAGCTGAGATTGCGCCACTGCACTCCACTCCAGCCTGGGCGTGGTGATAGAGTGAGACTCTGT  3360
```

```
Db  5267  ggcctggccaccaagctggagtggtgggaaggcacaagatcgggccaggcagagaacaggc  5326
Qy  4437  CTACCTGGAGAGGGGACTGCCCTGCACAGCTGCAGCAGTGCTGGGAGCTGGGAGGAGGTGT  4496
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||
Db  5327  ctacctggagaggggactgccctgcacagctgcagcagtgctgggagctggggaggaggtgt  5386

Qy  4497  TTTGGACCAACAAGTATGGTGGAAACACACTTCTGCCCTATACTCAGTGGCAGAGTG  4556
          ||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5387  tttggaccaacaaggtatggtggaaacacacttctgccctatactcagtggcagagtg  5446

Qy  4557  GAGGAGGTTGCAGGCACGGAATCCCTGGTTGGAGTTCAGAGGTGGCTGAGGCTGTGTG  4616
          |||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||
Db  5447  gaggaggttgcaggcacggaatccctggttggagtttcagaggtggctgaggctgtgtg  5506

Qy  4617  CCTCTCCAAATTCTGGAAGGGACTTTCTCAATCCTAGAGTCTCACCTTATAATTGAGA  4676
          ||||||| |||||||||||||||||||| |||||||||||||||||| ||||||||||
Db  5507  cctctccaaatcctggaagggacttctcaatcctagagtctcacctttataattgaga  5566

Qy  4677  TCGTATGAGACAGCCACAAGTCATGGGTTTAATTCTTCTTTCTTCCATGCATATGGCTCAAAG  4736
          ||||||||||||||||||| |||||||||||| || ||||| || ||||||||||| ||||||
Db  5567  tgtatggagacagccacaagtcatgggtttaattcttctttctttccatgcatggctccaaag  5626

Qy  4737  GGAAGTGTCTATGGCCCTTGCTTGTTTTTATTTAACCAATAAATCTTTGTATATTTATACCTG  4796
          |||||||||| |||||||||| || |||| |||||||| |||||||||||||||| |||||||
Db  5627  ggaagtgtctatggccctttgcttgtttttattttaaccaataaatctttgtatatttatacctg  5686

Qy  4797  TTAAAAATTCAGAAATGTCAAGGCCACGGTCACCCTGCTCACCCCTGTAATCCCAGCACTT  4856
          ||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||
Db  5687  ttaaaaattcagaaatgtcaaggcccacggtcaccgtgctcacccctgtaatcccagcacttt  5746

Qy  4857  TGGGAGGCCGAGGCGGGTGGTCACAAGGTCAGGAGTTGAGACCAGCCTGACCAACATGG  4916
          |||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||
Db  5747  tggaggccgaggcgggtggtcacaaggtcaggagttgagaccagccagcctgaccaacatgg  5806

Qy  4917  TGAAACCCGTCTCTAAAAAAATACAAAAATTAGCTGTCACAGTCACCACCTGTAGT  4976
          |||||||||||||| ||||||||| |||||||||||| ||||||||||||||||||
Db  5807  tgaaacccgtctctaaaaaaatacaaaaattagctgtcacagtcatcgcgacctgtagt  5866

Qy  4977  CCCAGCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGAGAATCGCTTGAACCTGGGAGGCGGAGTTGCA  5036
          |||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||| ||||||||||||
Db  5867  cccagctaattggaaggctgaggcaggagaatcgcttgaaccctgggaggcggaggttgca  5926

Qy  5037  CTGAGCCAAGATCGCGCCACTGCCACTCCAGCCTAGGCAGCAGAGTTGAGACTCCATCTTAA  5096
          ||||||||||||||| ||||||||||||||||||| ||||||||||| |||||||||||
Db  5927  ctgagccaagatcgcgccactgccactccagcctaggcagcagagtgagagactcccatctt--  5984

Qy  5097  AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAATTCAGAGATCTCAGCTATCATATGAATACCAGGA  5156
          ||||||||||||||||||||||| ||||| |||||||||||||||| ||||||||||||
Db  5985  aaaaaaaaaaaaaaaaaaagagaattcagagatctcagctatcatatgaataccagga  6044

Qy  5157  CAAAATATCAAGTGAGGCCACTTATCAGAGTAGAAGAATCCTTTAGGTTAAAGTTCTT  5216
          ||||||||||||||||||||| |||||||||||||| ||||||||| ||||||||||
Db  6045  caaaatatcaaggcaattatctgaggccacttatcagagtagaagaatcctttaggttaaagtttctt  6104

Qy  5217  TCATAGAACATAGCAATAATCACTGAAGCTACCTATCTTACAAGTCCCGCTTCTTATAAACA  5276
          |||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||| |||||||||||||||
Db  6105  tcatagaacatagcaataatcactgaagctacctatcttacaagtcccgcttcttataaaca  6164

Qy  5277  ATGCCTCCTAGGTTGACCAGGTGAAACTGACCACCATCGTATTCAATCATTTTCAATGCAC  5336
          ||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6165  atgcctcctaggttgaccaggtgaaactgaccaccatcatattcaatcattttcaatgcac  6224

Qy  5337  ATAAAGGGCAATTTTATCTATCAGAACAAAGAACATGGTAACAGATATGTATATTTACA  5396
          |||| |||||||||||||||| |||||||||||||||||||||| |||| ||||||||
Db  6225  ataaagggcaattttatctatcagaacaaagaacatggtaacagatatgtatatttaca  6284

Qy  5397  TGTGAGGAGAACAAGCTGTGATCTGACTTGGTTGGACAGCACCAGGACACTGTGTTTAGAGTCCAATCT  5456
          ||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||
Db  6285  tgtgaggagaacaagctgatctgactgctctgactgctgttagagtcaatct  6344

Qy  5457  TAGGACACAAAATGGTGCTCTCCTCCTGTGTTTTTTCTGAAAAGGGTATTTCCTTC  5516
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6345  taggacacaaaatggtgctctcctcctgtgttttttctgaaaagggtatttccttc  6404
```

```
Db  4187  ttgcagtgagctgagattgtgccactgcgcactccagccctggtgtagagtgatgagagactctcgt  4246
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Qy  3361  CTC----AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATT  3416
          ||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4247  ctcaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaactgaaggaattattcctcaggatt  4306

Qy  3417  TGGGTCTAATTGCCCTGAGCACCAACTCCTGAGTTCAACTACCATGGCTAGACACACCT  3476
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4307  tgggtctaattgccctgagcaccaactcctgagttcaactaccatggctagacacacct  4366

Qy  3477  TAACATTTTCTAGAATCCACCAGCTTTAGTGGAGTCTGTCTAATCATGAGTATTTGGAATA  3536
          |||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||
Db  4367  taacattttctagaatccaccagctttagtggagtctgtctaatcatgagtattggaata  4426

Qy  3537  GGATCTCGGGGCAGTGAGGGGTGGCCACGTGGTGGCAGCGAGAAAAGCACACAAGGAAA  3596
          |||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||| ||||||||||
Db  4427  ggatctgggggcagtgagggggtggccacgtgggtggcagccacgtgttggcagcgagaaaagcacacaaggaaa  4486

Qy  3597  GAGCACCCAGGACTGTCATATGGAAGCAACAGGACCTGCCAACTCACCCTTCACAAAATG  3656
          |||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4487  gagcacccaggactgtcatatggaaagaacaggaactgccaactcacccctcacaaaatg  4546

Qy  3657  AGGACCAGACAACAGCAGTCGATGGTATGGGTCATGCAGGTGTGTGGAGCCTCAAACATCCTGC  3716
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4547  aggaccagacaacagctgatgtgatggtatggggtgatgcaggtgtgtggagcctcaaacatcctgc  4606

Qy  3717  TCCCCTCCTACTACACATGGTTAAGGCCTGTTGCTCTGTCTCCAGTTCACACTCCTCTGC  3776
          ||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4607  tcccctcctactacacatggttaaggcctgttgctctgtctcccagttcacactcctctgc  4666

Qy  3777  ACTACCTTCTTCATGGGTGCCTCAGAGCAGGACCTTGGTCTTTCCTTGTTTGAAGCTTTGG  3836
          ||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4667  actacctcctcatgggtgcctcagagcaggaccttggtctttccttgtttgaagctttgg  4726

Qy  3837  GCTACGTGGATGACCAGCTGTTCGTGTTCTCATGATCATGAGAGTGCCGTGTGAGCCCC  3896
          |||||||||||||||||||| |||||||| |||||||||||||||||||||||||||||
Db  4727  gctacgtggatgaccagctgttcgtgttctcatgatcatgagagtcgccgtgtcagcgaccgtgagt  4786

Qy  3897  GAACTCCATGGGTTTCCAGTAGAATTCAAGCCAAGATGTGGCTGCCAGATGTGGCTGAGTCAGAGTC  3956
          ||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||
Db  4787  gaactccatggggttctccagtaagaattcaagccagatggctgctgcagcctgagctgagtagtc  4846

Qy  3957  TGAAAGGGTGGGATCACACAGTGTCACTGTTCACTCTTCACTTGGGACTATTATGGAAAATCACAACC  4016
          |||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4847  tgaaagggtgggatcacacagtgtcactgttcactgttgacttctggacttatatggaaaatcacaaac  4906

Qy  4017  ACAGCAAGGGTATGTGGAGAGGGGGCCCTCACCTTCCTGAGGTTGTCAGAGCTTTTCATCT  4076
          |||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4907  acagcaaggtgtgtggagaggggggcctcacctttgacccaggttgtcagagctttttcatcc  4966

Qy  4077  TTTCATCTTGAAGAAACAGTGGAGTCTGTGTGGGAGCAGGAGGAGGAGAGG  4136
          ||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||
Db  4967  tttcatgctgaaggaagcaagctggaggtctgtgtgggagcaggaggaggggaagg  5026

Qy  4137  GAAGGAATTTGCTTCCTGAGATCATTTGGTCCTGGGGATGGTGAAATAGGGACCTATT  4196
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5027  gaaggaatttgcttcctgagatcatttggtcctgggggatggtgaaataggggacctatt  5086

Qy  4197  CCTTTGGTTGCAGTTAACAAGGCTGGGGATTTTTCCAGATGCCCACACCCTGCAGGTCAT  4256
          |||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||
Db  5087  cctttggttgcagttaacaaggctggggatttttccagatgccccacaccctgcaggtcat  5146

Qy  4257  CCTTGGGCTGTGAAATGCAAGAAGACAACAGTACCTACTGCAAGAACATGGGTATGA  4316
          ||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||
Db  5147  cctgggctgtgaaatgcaagagacaacagtacctactgcaagaacctggggtatga  5206

Qy  4317  TGTGAGGAGAACAAGCTGATCTGAATTCTGCCCTGACACACTGGATTGGACGACACCAGGAACCCAG  4376
          ||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||| ||||||||||||||||
Db  5207  tgtgaggagaacaagctgatctgaattctgccctgacactggatggagagcagcacacccaccag  5266

Qy  4377  GGCCTGGCCACCAAGCTGGAGTGGGAAAGGCACAAGAATTCGGGCCAGGCAGGAACAGAGGGC  4436
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5267  gggcctggccaccaagctggagtggtgggaaagggtatttcctttc  6345
```

```
Qy  5517  CTCCAACCTTATAGAAGGAAGTGAAAGTTCCAGTCTTCCTGGCAAGGGTAAACAGATCCCC  5576
          |||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6405  ctccaacctatagaaggaagtgaaagttccagtcttcctggcaagggtaaacagatcccc  6464

Qy  5577  TCTCCTCATCCTTCCTCTTTCCTGTCAACGTGCCTTGGTGAAGGTGACACATCATGT  5636
          |||||||||||| |||||||||||||||| ||||| ||||||| ||||||||||||||
Db  6465  tctcctcatcctcctctttcctgtcaagtgcctcggtgaagtgacacatcatgt  6524

Qy  5637  GACCCTTCAGTGACCACTCACGGTGTCGGGCCTTGAACTACTACCCCCAGAACATCAC  5696
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||
Db  6525  gaccccttcagtgaccactcacggtgtcgggccttgaactactacccccagaacatcac  6584

Qy  5697  CATGAAGTGGCTGAAGGATAAGCAGCCAATGGATGCCAAGGAGTTCGAACCTAAAGACGT  5756
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6585  catgaagtggctgaaggataagcagccaatggatgccaaggagttcgaacctaaagacgt  6644

Qy  5757  AATGCCCAATGGGGATGGGACCTACCAGGGCTGCTGATAACCTTGGCTGCTGTACCCCTGGGGA  5816
          |||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||| |||||
Db  6645  aatgcccaatggggatgggacctaccagggctggtaaccttggctgctgtaccccctgggga  6704

Qy  5817  AGAGCAGAGATACGTACCAGGTGGAGCACCCAGGCCTGAGCACCCCCTCATTGTGAT  5876
          ||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||
Db  6705  agagcagagatacgtgccaggtggagcacccaggcctgagcacccctcattgtgat  6764

Qy  5877  CTGGGTATGTGACTGATGAGCTCAGGAGCTGGGAGCTGAGAAAATCTATTGGGGGTTGAGAGGAG  5936
          ||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||| ||||||||||||||||||||||||
Db  6765  ctgggtatgtgactgatgagctcaggagctgagaaatctattggggggttgagaggag  6824

Qy  5937  TGCCTGAGGAGGTAATTATGGCCAGTGAGATGAGGATCTCGCTCTTTTGTGTTCATTGGA  5996
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||
Db  6825  tgcctgaggaggtaattatggccagtgagatgaggatctcgctcttttgttcattgga  6884

Qy  5997  GAGGGTGGCAATCAAAGGCTTAACTTGCTTTTTCTGTTTGATGAGCCCTCACCGTCTGGC  6056
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6885  gagggtggcaatcaaaggcttaacttgctttttctgtttgatgagccctcaccgtctggc  6944

Qy  6057  ACCCTAGTCATTGGAGTCATCAGTGAATTGCTGAATTTCGTGTTTTGTCGTCATCTTGTTCATTGGA  6116
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||
Db  6945  accctagtcattggagtcatcagtgaattgctgaatttcgtgttttgtcgtcattggga  7004

Qy  6117  ATTTTGTTCATAATATTAAGGAGAGGCAGGGTTCAAGTGAGTAGGAACAAGGGGGAAGT  6176
          |||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||
Db  7005  atttgttcataatattaaggagaggcagggttcaagtgagtagaacaagggggaagt  7064

Qy  6177  CTCTTAGTACCTCTGCCCCAGGGCACAGTGGGAAGAGGGCACAGGGGATCTGGCATCCA  6236
          |||||||||||| |||||||| ||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||
Db  7065  ctcttagtaccctctgcccaggcacagtgggaagaggggcacaggggatctggcatcca  7124

Qy  6237  TGGGAAGCACTTTTCTCATTTATATTCTTTGGGCACCACCAGCCAGCTCCCTGGGACAGA  6296
          |||||||| ||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7125  tgggaagcatttttctcatttatatctttgggcaccaccagccagctccctgggacaga  7184

Qy  6297  AAATAATGGTTCTCCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCAACAAACATCTTCAGAGCCACCTA  6356
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||
Db  7185  aaataatggttctccccagaatgaaagtctctaattcaacaaacatcttcagagccacta  7244

Qy  6357  CTATTTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTAGTACAGGGGCTTTGAGGTTGAGAAGTTCACTGTGG  6416
          |||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7245  ctattttgcaagagctgttttaaggtagtacaggggctttgaggttgagaagttcactgtgg  7304

Qy  6417  CTATTCTCAGAACCCAAATCTGTTAGGGAATGCAAGTAAATTGATAGCAAGTAAATGTAGTTAAA  6476
          |||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7305  ctattctcagaacccaaatctgttagggggaatgcaagtaaattgatagcaagtaaatgtagttaaa  7364

Qy  6477  GAAGACCCCATGAGGTCTAAAGCAGGTCCTAAAGCGAAGCAAATGCTTAGGGTGTCAAAGGAAAG  6536
          |||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7365  gaagaccccatgaggtcctaaagcaggtcctaaagcgaagcaaatgcttagggtgtcaaaggaaag  7424

Qy  6537  AATGATCACATTCAGCTGGGATCTGGGATAGCCTTCTGGATCTTGAGGAGAAGCTGGAT  6596
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7425  aatgatcacattcagctgggatctgggatagccttctggatcttgaggagaagctggat  7484
```

```
Qy  6597  TCCATTAGGTGAGGTTGAAGATCATGGGAGTCTACACAGACGGAGCAACCATGCCAAGT  6656
          |||||||||||||||||||||||| |||||| |||||||||||||||||||||||||||
Db  7485  tccattaggtgaggttgaagatgatgtgggaggtctacacagacggagcaaccatgccaagt  7544

Qy  6657  AGAGAGTATAGGCATACTGGGAGATTAGAAATAATTACTGTACCTTAACCTGACTTT  6716
          || |||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||| |||
Db  7545  aggagtgtataggcatactgggagattagaaataattactgtacctttaacctgagttt  7604

Qy  6717  GCGTAGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCTACCCCCTGAACATCTGGTGTAGGGAA  6776
          || |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||
Db  7605  gcttagctatcactcaccaattatgcatttctaccccctgaacatctgtggtgtagggaa  7664

Qy  6777  AAGAGAATCAGAAGAAGAGCCACCTCATACACAGATCCAAGGGTCTTTTGGGATATTGGGTT  6836
          |||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7665  aagagaatcagaagaagagccagctcatacacagatccaagggtcttttgggatattgggtt  7724

Qy  6837  ATGATCACTGGGGTGTCATTGAAGGATCCTAAGAAAGGACCACGATCTCCCTTATAT  6896
          |||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7725  atgatcactgggtgtcattgaaggatcctaagaaaggaccacgatctcccttatat  7784

Qy  6897  GGTGAATGTGTGTTAAGAAGTTAGATGAGAGGTGAGGAGACCAGTTAGAAAGCCAATAA  6956
          |||||||| || |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7785  ggtgaatgtgttgttaagaagttagatgagaggtgaggagaccagttagaaagccaataa  7844

Qy  6957  GCATTTCCAGATGAGAGATAATGTCTTCTTGAAATCCAATAGTGCCCAGGTCTAAATTGAG  7016
          ||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7845  gcatttccagatgagagataatggttcttgaaatccaatagtgcccaggtctaaattgag  7904

Qy  7017  ATGGGTGAATGAGAGAAAATAAGGAAGAGGAGAAGAGGCAAGATGGTGCCTAGGTTGTGAT  7076
          |||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7905  atgggtgaatgaggagaaataaggaagaggagaagaggcaagatggtgcctaggttgtgat  7964

Qy  7077  GCCTCTTTCTGGGGTCTCTGTCTCCTGTGTCTCGTGTCCACAGGAGGAGCCACTACGTCTTAGCTG  7136
          |||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||
Db  7965  gcctctttctgggtctctgtctcctgtgtctcgtgtccacaggaggagccactacgtctagctg  8024

Qy  7137  AACGTGAGTGACACGCCAGCCTGCAGACTCACTGTGGGAAGGAGACAAAACTAGAGACTCA  7196
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8025  aacgtgagtgacacgccagcctgcagactcactgtgggaaggagacaaaactagagactca  8084

Qy  7197  AAGAGGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCATGTTCAGGAGAGAGTTGAACCTAAACATAGA  7256
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||
Db  8085  aagagggagtgcatttatgagctcttcatgttcaggagagagttgaacctaaacatagg  8144

Qy  7257  AATTGCCTGACGAACTCCTTGATTTTAGCCTTCGTGTCTTCATTCCTCAAAAGATTTCC  7316
          ||||||||||||||||||| |||||| |||||||||||||||||| |||||||||||||
Db  8145  aattgcctgacgaactccctgatttttagccttcgtgtcttcatttctcaaaaagatttcc  8204

Qy  7317  CCATTTAGGTTCTGACGTTCCTGAGTTCGCATGCCATGCCGCCGTACTCCAGTCTGCCTAGCTGTGACCC  7376
          ||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||| |||| ||||||||||
Db  8205  ccatttaggttctgagttcctgagttcgcatgccatgccgccgtacctccagcctgtgaccc  8264

Qy  7377  ACTGTCTCTCATGAACCTCAAGCTGCATCTGAGAGGCTCCTCATTTCTCCGTCACCTC  7436
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||
Db  8265  actgtctctcatgaacctcaagctgcatctgagaggctcctcattcctccgtcacctc  8324

Qy  7437  AGAGACATACACCTATGTCATTTCATTTAACATCTGAGAAAGCTTTGAACCTGGCTGCTAG  7496
          |||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||| ||| ||||||| |||||
Db  8325  agagacatacacctatgtcatttcattttcatttaacatctgagaaaagcttgaaccctggcgctag  8384

Qy  7497  GGGACTTACATTGCATTTAAGTAGACGTGGCTAG  7556
          |||||||||| ||||||  ||  |||||||||||
Db  8385  gggacttacatgcattttaacatctgaaaagcttgaacctggacgtggctag  8444

Qy  7557  TCATAACCTTACCAGATTTTTACACATGTATCTATCGCGTTCAACTTT  7616
          ||||||||||||||||||||||||||||||||| || |||||||||||
Db  8445  tcataaccttaccagatttttacacatgtatctatgcatttttctgacccgttcaacttt  8504

Qy  7617  TCCTTTGAATCCTCTCTCTGTGTTACCCAGTAACTCATCTGTCAAGCCTTGGGATT  7676
          ||||||||||||||||||| || ||||||||||||||| ||| ||||||||||||||
Db  8505  tcctttgaatcctctctctgttgttacccagtaactcatcctgttcaccaagccttgggattt  8564

Qy  7677  CTTCCATCTGATTGTGATGTGATTGAGTTGCACAGCTGTACACTGCGAATGGA  7736
```

Mon Jul 9 10:09:30 2001   us-09-497-957-3.rng

```
Db   8565  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
           cttccacctctgattgtgtgatgtgagttgcacagctatgaagctgacactgcacgaatgga  8624

Qy   7737  AGAGGCACCTGCCCAGAAAAAGCATCATGGCCTATCGTGGGTAGTGATGATGGGTGTTTT  7796
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8625  agaggcacctgcccagaaaaagcatcatggcctatcgtgggtagtgatgatgggtgtttt  8684

Qy   7797  TAGCCAGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGCTTGTGTGAGAGAGGTGTTTTTCTAATTGGC  7856
           ||||||||||||||||||||||||||| |||||||||  |||||||||||||  ||||||||
Db   8685  tagccaggtaggaggcaaatatcctgaaagggttgtgaagaggtgtttttttcaattggc  8744

Qy   7857  ATGAAGGTGTCATACAGATTTGCAAAGTTAATGTGCCTTCATTTGGGATGCTACTCTA  7916
           ||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||| |||||||||||||||||||
Db   8745  atgaaggtgtcatacagatttgcaaagtttaatgtgcctttcatttgggatgctactcta  8804

Qy   7917  GTATTCCAGACCTGAAGAATCACAATAATTTTCTACCTGGTCTCTCCTTGTTCTGATAAT  7976
           |||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||| ||||||||||||
Db   8805  gtattccagacctgaagaatcacaataatttctacctggtctctcctgttctgataat  8864

Qy   7977  GAAAAATTATGATAAGGATGATAAAAGCACTTACTTCGTGTCCGACTCTTCTGAGCCACCTA  8036
           ||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8865  gaaaatttatgataaggatgataaaagcacttacttcgtgtccgactcttctgagccaccta  8924

Qy   8037  CTTACATGCATTACTGCACTTCTTACAATAATTCTATGAGATAGGTACTACTATTATCC  8096
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8925  cttacatgcattactgcacttcttacaataattctatgagataggtactactattatcc  8984

Qy   8097  CCATTCTTTTTTAAATGAAGAAGTGAGGAGTAGGCCGGGCACCGTGGCTCACGCCTGTAA  8156
           ||||| ||||||||||||||||||||||| | ||||||||||| ||||||||||||||||
Db   8985  ccatttctttttaaatgaagaagtgaggaggtcaggccgggcacgtggctcacgcctgtaa  9044

Qy   8157  TCCCAGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGGCGGATCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCC  8216
           |||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||
Db   9045  tcccagcactttgggaggccaaagcgggcgggatcacgaggtcaggagatcgagaccatcc  9104

Qy   8217  TGGCTAACACGTGAAACCCCATCTCTAATAACAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTG  8276
           ||||||||| ||||||||||| ||||||| |||||||||||||||||||||||
Db   9105  tggctaacatgtgaaaccccatcctctaatacaaaaaattagctgggcgtggtg  9164

Qy   8277  GCAGAGGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGGAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCATGAACCCAG  8336
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9165  gcagaggcctgtagtcccagctactcgggaggctgaggcaggagaatggcatgaacccag  9224

Qy   8337  GAGGCAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTGCCCCACTACTGCACTCCAGCCTGACAGAGT  8396
           ||||||||||||||||||||||||| |  ||||||||||| |||||||||||||||||||
Db   9225  gaggcagagcttgcagtgagccgagatcgcagccactgcacactccagcctgacagagt  9284

Qy   8397  GAGACTCCATCTCAAAAAAATAAAAATAAAAATGAAAAAAAAGAAAAGTGA  8456
           |||||||||||||||||||||||||| ||||| |||||||||||||  |||
Db   9285  gagactccatctcaaaaaataaaaataaaataaaaaatgaaaaaaaagaagtga  9344

Qy   8457  AGTATAGAGTATCTCATAGTTTGTCAGTGATGAGAACAGGTTCAAACTCAGTCAATCG  8516
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||  ||||||||||||||||||||
Db   9345  agtatagagtatctcatagtttgtcagtgatgagaaacaaccactgatcctcagctgtcatgttccctttaaa  9584

Qy   8517  ACCGTTGATACATCTCAGACACCACCACTAGTTTAGATGCCTAGAATAAATAG  8576
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9405  accgttgatacatctcagacaccaccactagtttagatgcctagaataaatag  9464

Qy   8577  AGAAGGAAGGAGGAGATGGCTCTTCTCTGTCTCATTGGTGTTTCTTCTCTCGAGTTGAGCTTGAATC  8636
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9465  agaaggaaggaggagatggctcttctctgtctcattggtgtttcttctctcgagttgagcttgaatc  9524

Qy   8637  ACATGAGGGGAACAGCAGAGAAAACAACCACTGATCCTCAGCTGTCATGTTCCTTTAAA  8696
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9525  acatgaggggaacagcagagaaaacaaccactgatcctcagctgtcatgttcctttaaa  9584

Qy   8697  AGTCCCTGAAGGAAGTCCTCGGAATGCGACTCCCCTTGCTCGTGTTGCTCTCTTTGGCA  8756
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9585  agtcccctgaaggaaggtcctgaatgtgactccctcctgctgctctcgttgctctttggca  9644

Qy   8757  TTCATTTCTTGGACCCTACGCAAGGACTGTAATTGGTGGGGACAGCTAGTGGCCCTGCT  8816
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db   9645  ttcatttcttggacctacgcaaggactgtaatggtgggacagctagtggccctgct  9704

Qy   8817  GGGCTTCACACGGTGTCCTCCCTAGGCCAGTGCCTCTGGAGTCAGAACTCTGTGGTA  8876
           ||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||  ||||
Db   9705  gggcttcacacacggtgtcctccctaggccagtgcctctggagtcagaactctggta  9764

Qy   8877  TTTCCCTCAATGAGTGGAGTAAGCTCTCATTTTGAGATGGTATAATGGAAGCCACCA  8936
           ||||||||||||||  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9765  tttccctcaatgaagtggagtaagctctcattttgagatggtataatggaagccacca  9824

Qy   8937  AGTGGCTTAGAGGATGCCCAGTCCTTCATTGGAGCCACTGGGGTTCCGGTGACACATTAA  8996
           |||||||||||||||||||||||||||||||  |||||||| ||||||||||  ||||||
Db   9825  agtggcttagaggatgcccagtccttcatttggagccactgggttccggtgcacattaa  9884

Qy   8997  AAAAAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCTAGATTCTGGGAAATCAGTTCACCATG  9056
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9885  aaaaaaatctaaccaggacattcaggaattgctagattctgggaaatcagttcaccatg  9944

Qy   9057  TTCAAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTGAGACTCTCATTGCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCA  9116
           | |||||||||||||||||||||||||||| || ||||||||||||||||||||||||||
Db   9945  tcaaaagagtctttttttttttttgagaccctattgcccaggctggagtgcaatggca  10004

Qy   9117  TGATCTCGGCTCACTGCTAACCTGTAACCTCCCAGGTTCAAGCGATTCTCCTGTCTCAGCCT  9176
           ||||||||||||||||| |||| |||||||||||||||||||||||||| ||||| |||||||
Db   10005 tgatctcggctcactgtaaccctgcctcccaggttcaagcgattcctcctgcctcagcct  10064

Qy   9177  CCCAAGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCATGCCCGGCTAATTTTGTATTTTTAG  9236
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||
Db   10065 cccaagtagctgggattacaggcgtgcaccaccatgcccggctaatttttgtatttttag  10124

Qy   9237  TAGAGACAGGGTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCCTCGACCTCGTGATC  9296
           ||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||
Db   10125 tagagacagggtttcaccatgttggccaggctggtctcgaactcctgacctcgtgatc  10184

Qy   9297  CGCCTGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGGGATTACAGGCGTGAGCCACCGTGCCCAGCCGT  9356
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||| ||||||||||
Db   10185 cgcctgcctcggcctcccaaagtgctgggattacaggtgtgagccaccgcgcccagccgt  10244

Qy   9357  CAAAAGAGTCTTAAATATATATCCAGATGCGCATGTGTTTACTTTATGTTACTACACATGCA  9416
           |||||||||||||||||||||||||||||  |||||||||||||| |||||||||||| |||
Db   10245 caaaagagtcttaaatatatatccagatggcatgtgtttacttttatgttactacactgca  10304

Qy   9417  CTTGGCTGCATAAAATGTGGTACAAGCATTCTGTCTTCTTGAAGGGCAGGTGCTTCAGGATACC  9476
           ||||||||||||||| ||||||||||||| ||||||| |||||||||||||||||||||||||
Db   10305 cttggctgcataaatggtacaagcatcctgtcttgtcttgaagggcaggtgcttcaggatacc  10364

Qy   9477  ATATACAGCTCAGAAGTTTCTCTTTAGGCATTAAATTTTAGCAAAGATATCTCATCTCT  9536
           ||||||||||||||||||| ||||  |||||||||||||| ||||||||||||||||||
Db   10365 atatacagctcagaagttttcttaggcattaaatttttagcaaagatatctcatctct  10424

Qy   9537  TCTTTAAACCATTTTCTTTTTTGTGGTTAGAAAAGTATGTAGAAAAAGTAAATGTG  9596
           ||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10425 tctttaaaccatttctttttttgtggttagaaaagtatgtagaaaaagtaaatgtg  10484

Qy   9597  ATTTACGCTCATTGTGAAAAGCTATAAAATGAATACAAATTAAAGCTGTTATTTAATTAG  9656
           |||||| |||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||
Db   10485 atttacgtcattgtgaaaagctataaaatgaatacaattaaagctgttatttaattag  10544

Qy   9657  CCAGTGAAAAACTATTAACAACTTGCTATTACCGTTAGTATTATTGTTGCATTAAAAA  9716
           |||||||||| |||||||||||||||||||||  ||||||||||||||||||||||||
Db   10545 ccagtgaaaaacattaacaacttgctattacccgttagtattattgttgcattaaaaa  10604

Qy   9717  TGCATAATACTTTAATAAATGTATAATGTATTGTATACTGCATGATTTTATTGAAGTTCTT  9776
           ||||| ||||||||||||||||| | |||||||||||||||||||||| |||||||||||
Db   10605 tgcatatactttaataaatgtacattgtattgtatactgcatgatttttattgaagttctt  10664

Qy   9777  GTTCATCTGTGTATATACTTAATCGCTTTGTCATTTTGGAGACATTTGCTTTGCA  9836
           |||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||
Db   10665 gttcatcttgtgtatatacttaatcgctttgtcattttggagacatttgcctttgca  10724

Qy   9837  ATTTCTTTACATTTTGTCTTACGGAATATTTTCATTCAACTGTGTGAGCCGAATTAATCG  9896
           ||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10725 atttctttacatttttgtcttacggaatattttcattcaactgtgtgagccgaattaatcg  10784
```

```
Qy   9897  TGTTTCTTCACTCTGGAGGACATTGTCGTCTCAAGTTGTAAGACATTGGTTATTTTACCAGC  9956
                                       ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10785  tgtttcttcactctgagggacattgtcgtctcaagttgtaagacattggttatttttaccagc 10844

Qy   9957  AAACCATTCTGAAAGCATATGACAAATTATTTCTCTCTTAATATCTTACTATACTGAAAG 10016
                                       |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10845  aaaccattctgaaagcatatgacaaattatttctctcttaatatcttactatactgaaag 10904

Qy  10017  CAGACTGCTATAAGGCTTCACTTACTCTTCTACCTCATAAGGAATATGTTACAATTAATT 10076
                                       |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10905  cagactgctataaggcttcacttactctctctacctcataaggaatatgttacaattaatt 10964

Qy  10077  TATTAGGTAAGCATTTGTTTTATATTGGTTTTATTCACCTGGGCTGAGATTTCAAGAAA 10136
                                       |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10965  tattaggtaagcattgtttttatattggtttttattcacctgggctgagatttcaagaaa 11024

Qy  10137  CACCCCAGTCTTCACAGTAACAACACATTTCACTAACACATTACTAAACATCAGCAACTGTG 10196
                                       |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  11025  cacccccagtcttcacagtaacaacatttcactaacacattactaaacatcagcaactgtg 11084

Qy  10197  GCCTGTTAATTTTTTAAATAGAAATTTAAGTCCTCCATTTTCTTTCGGTGTTTTTTAAGC 10256
                                       ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  11085  gcctgttaatttttttaaatagaaatttaagtcctccatttcttttcggtgtttttttaagc 11144

Qy  10257  TTAATTTTCTGGCTTTTATTCATAAATTCTTAAGTCAACTACATTTGAAAAATCAAAGA 10316
                                       ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  11145  ttaattttctggctttattcataaattcttaagtcaactacatttgaaaaatcaaaga 11204

Qy  10317  CCTGCATTTTAAATTCTTATTCACCTCTGGCAAAACCATTGGTAGTAAAG 10376
                                       |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  11205  cctgcattttaaattcttattcacctctggcaaaaccattcacaaaccatggtagtaaag 11264

Qy  10377  AGAAGGGTGACACCTGGTGGCCATAGGTAAATGTACCACGGTGTCCGGTGACCAGAGAT 10436
                                       |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  11265  agaaggtgacacctggtggccataggtaaatgtaccacggtgtccggtgaccagagat 11324

Qy  10437  GCAGCGCTGAGGGTTTCCTGAAGGTAAAAGGAATAAAGATGGGTGGAGGGCCGTGCACT 10496
                                       ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  11325  gcagcgctgagggtttcctgaaggtaaaagaataaagatgggtggagggggtgcact 11384

Qy  10497  GGAAATCACTTGTAGAGAAAAGCCCCTGAAAATTTGAGAAACAAACAAGAAACTACTTA 10556
                                       ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  11385  ggaaatcacttgtagagaaaaagcccctgaaaatttgagaaacaaacaagaaactactta 11444

Qy  10557  CCAGCTATTCGAATTGCCTGGAATCACAGGCCATTCTGAGCTGCCTGAACTGGAACACA 10616
                                       |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  11445  ccagctattcgaattgctggaatcacaggccattctgagctgcctgaactgggaacaca 11504

Qy  10617  ACAGAAGGAAAAACAAACAACCACTCTGATAATCATTGAGTCAAGTACACAGCAGTGAGGA 10676
                                       |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  11505  acagaaggaaaaacaaacaaccactctgataatcattgagtcaagtacacagcagtgagga 11564

Qy  10677  CTGCTGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTTATGTTGTATTATAATAATGTCATCTTATAATA 10736
                                       ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  11565  ctgctgagaggtacaggccaaaattccaaaattctttatgttgtattataataatgtcatctttatataata 11624

Qy  10737  CTGTCAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTCACACAACCATTTAAAAACAAAACACTG 10796
                                       ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  11625  ctgtcagtattttataaaacattcttcacaaactcacacaccatttaaaaacaaaacactg 11684

Qy  10797  TCTCTAAAATCCCCAAATTTTTCATAAAC 10825
                                       ||||||||||||||||||||||||||||
Db  11685  tctctaaaatccccaaatttttcataaac 11713
```

XX
DE   Hereditary haemochromatosis subregion from an HH affected individual.
XX
KW   Bovine butyrophilin; BT; human hereditary haemochromatosis; HFE;
KW   diagnosis; iron metabolism; NPT3; NPT4; RORet; BTF1; BTF2; BTF3;
KW   BTF4; BTF5; milk protein; lupus; Sjogren's syndrome; hypophosphatemia;
KW   type 1 sodium transport gene; ss.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
PN   WO9814466-A1.
XX
PD   09-APR-1998.
XX
PF   30-SEP-1997;   97WO-US17658.
XX
PR   07-MAY-1997;   97US-0852495.
PR   01-OCT-1996;   96US-0724394.
XX
PA   (PROG-) PROGENTIOR INC.
XX
PI   Feder JN, Kronmal GS, Lauer PM, Ruddy DA, Thomas WJ;
PI   Tsuchihashi Z, Wolff RK;
XX
DR   WPI; 1998-240014/21.
XX
PT   Hereditary haemochromatosis gene products - used to develop products
PT   for the diagnosis and treatment of hereditary disorders in iron
PT   metabolism
XX
PS   Claim 1; Fig 9; 209pp; English.
XX
CC   The present invention describes hereditary haemochromatosis gene
CC   products from the human haemochromatosis gene. The present sequence
CC   represents a hereditary haemochromatosis subregion from an hereditary
CC   haemochromatosis (HH) affected individual. Also described is a
CC   method to determine the presence or absence of the common hereditary
CC   haemochromatosis (HFE) gene mutation in an individual comprising:
CC   (a) providing DNA or RNA from the individual; and (b) assessing the
CC   DNA or RNA for the presence or absence of a haplotype or genotype where
CC   the presence or absence of the haplotype genotype indicates the likely
CC   presence of the HFE gene mutation in the genome of the individual. The
CC   HFE gene sequences from the present invention can be used to develop
CC   products for use in the diagnosis and treatment of HFE. The present
CC   invention also describes BTF genes, which are homologues of the milk
CC   protein butyrophilin (BT), and can be used in the production of agonists
CC   and antagonists of BT function. Also described are: (1) a RORet gene
CC   which can be used to develop products for the study, diagnosis and
CC   treatment of lupus and Sjogren's syndrome; and (2) NPT3 and NPT4 genes
CC   which are homologues of a type 1 sodium transport gene, and can
CC   similarly be used for hypophosphatemia.
XX
SQ   Sequence 237326 BP; 69596 A; 48904 C; 48217 G; 70609 T; 0 other;

Query Match   98.9%; Score 10709; DB 19; Length 237326;
Best Local Similarity   99.6%; Pred. No. 0;
Matches 10781; Conservative 0; Mismatches 40; Indels 8; Gaps 4;

```
Qy      1  TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTAAATGTATGATTGAATTTTGAAAATCATAAATATTA  60
                    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  47101  TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTAAATGTATGATTGAATTTTGAAAATCATAAATATTA  47042

Qy     61  AATATCTAAAGTTCAGATCAGACAACATTGCGAAGCTACTTTCCCCAATCAACAACACCCCT 120
                    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  47041  AATATCTAAAGTTCAGATCAGACAACATTGCGAAGCTACTTTCCCCAATCAACAACACCCCT 46982

Qy    121  TCAGGATTAAAAACCAAGGGACACTGGATCACCTAGTGTTCACAAGCAGGTACCTT 180
                    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  46981  TCAGGATTAAAAACCAAGGGACACTGGATCACCTAGTGTTCACAAGCAGGTACCTT 46922

Qy    181  CTGCTGTAGGAGGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTTGCTTTTCACCAGGAAGTT 240
                    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db  46921 CTGCTGTAGGAGAGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTTGCTTTCACCAGGAAGTT 46862

Qy    241 TTACTGGGCATCTCCTGAGCCTAGGCAATAGCTGTAGGGTGACTTCTGGAGCCATCCCCG 300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  46861 TTACTGGGCATCTCCTGAGCCTAGGCAATAGCTGTAGGGTGACTTCTGGAGCCATCCCCG 46802

Qy    301 TTTCCCCGCCCCCAAAAGAGAGCGGAGATTTAACGGGGACGTGCGGCCCAGAGCTGGGGAA 360
          |||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  46801 TTTCCCCGCCCCCAAAAGAGAGCGGAGATTTAACGGGGACGTGCGGCCCAGAGCTGGGGAA 46742

Qy    361 ATGGGCCCGCCCAGCCAGGCCCGGCCGGCCGCTTCTCCTCCTGATGCTTTGCAGACCTTCCTG 420
          |||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||
Db  46741 ATGGGCCCGCCCAGCCAGGCCCGGCCGGCCGCTTCTCCTCCTGATGCTTTGCAGACCTTCCTG 46682

Qy    421 CAGGGGGCGTTCTGCGCTGAGTGCCGAGGGCGTCGCGGCGAACTAGGGGCGCGCGGGGGTG 480
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  46681 CAGGGGGCGTTCTGCGCTGAGTGCCGAGGGCGTCGCGGCGAACTAGGGGCGCGCGGGGGTG 46622

Qy    481 GAAAAATCGAAACTAGCTTTTCTTTGCGCTTGGAGTTTGCTAACTTTGGAGGACCTGC 540
          ||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  46621 GAAAAAATCGAAACTAGCTTTTCTTTGCGCTTGGAGTTTGCTAACTTTGGAGGACCTGC 46562

Qy    541 TCAACCCTATCCGCAAGCCCCCTTCTCTCGCGTCCAGACCCCGTGAGGGAGTGC 600
          ||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  46561 TCAACCCAATCCGCAAGCCCCCTCTCTCGCGTCCAGACCCCGTGAGGGAGTGC 46502

Qy    601 CTACCACTGAACTGCGAGATAGGGTCCTCGCCCAGGACCTGCCCCTCCCCGCTGT 660
          ||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  46501 CTACCACTGAACTGCGCATATAGGGTCCTCGCCCAGGACCTGCCCCTCCCCGCTGT 46442

Qy    661 CCCGGCTCTGCGGAGTGACTTTGGAACCGCCACTCCCTTCCCCCAACTAGAATGCTTT 720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  46441 CCCGGCTCTGCGGAGTGACTTTGGAACCGCCACTCCCTTCCCCCAACTAGAATGCTTT 46382

Qy    721 TAAATAAATCTCGTAGTTCCTCACTTGAGCGTGAGCTCCTTGAACCTGG 780
          ||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  46381 TAAATAAATCTCGTAGTTCCTCACTTGAGCGTGAGCTCCTTGAACCTGG 46322

Qy    781 AACTCGGGTTTATTTCCAATGCTGCAGCTGTGCAGTTTTCCCAGTCATCTCCAAACAG 840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  46321 AACTCGGGTTTATTTCCAATGCTGCAGCTGTGCAGTTTTCCCAGTCATCTCCAAACAG 46262

Qy    841 AAGTTCTTCCCTGAGTTGCTGCCGAGAAGGCTGAGCCAAACCCACGCAGCAGGATCCGCACG 900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  46261 AAGTTCTTCCCTGAGTTGCTGCCGAGAAGGCTGAGCCAAACCCACGCAGCAGGATCCGCACG 46202

Qy    901 GGTTCCACCTCAGAACGAATGCGTTGGGCGTGGGGGCGCGAAAGAGTCGGCGTTGGGGA 960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  46201 GGTTCCACCTCAGAACGAATGCGTTGGGCGTGGGGGCGCGAAAGAGTCGGCGTTGGGGA 46142

Qy    961 TCTGAATTCTTCACCATTCCACCACTTTTGGTGAGACGTGGGAGTCTCTAGGGT 1020
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  46141 TCTGAATTCTTCACCATTCCACCACTTTTGGTGAGACGTGGGAGTCTCTAGGGT 46082

Qy   1021 GGGAGGCTCCTGAGAGAGGCCTACCCGGGGCCTTTCCCACTCTGGCAATTGTCTTTT 1080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  46081 GGGAGGCTCCTGAGAGAGGCCTACCCGGGGCCTTTCCCACTCTGGCAATTGTCTTTT 46022

Qy   1081 GCCTGGAAAATTAAGTAGTTTAGTTTTGAACGTTTGAACTGAGAACAATTCTCTTTTCCG 1140
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  46021 GCCTGGAAAATTAAGTAGTTTAGTTTTGAACGTTTGAACTGAGAACAATTCTCTTTTCCG 45962

Qy   1141 CTGGCTTTTATTGATTTGGCAATGTCCTGTGTAATTAAGAGGCCTCTACAAAGTACTGA 1200
          |||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||
Db  45961 CTAGGCTTTTATTGATTTGGCAATGTCCTGTGTAATTAAGAGGCCTCTACAAAGATCTGA 45902

Qy   1201 TAATGAACATGTAAGCAACAATGCACTCACTTCATTCATATCTGATCTTATTTGA 1260
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  45901 TAATGAACATGTAAGCAACAATGCACTCACTTCATTCATATCTGATCTTATTTGA 45842

Qy   1261 TTTTCACTAGGCATAGGAGAGGAGGAGCTAATAATAATACCGTTTATTTTACTAGAAGTTAACT 1320
          ||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  45841 TTTTCACTAGGCATAGGAGAGGAGGAGCTAATAATAATACGTTTATTTTACTAGAAGTTAACT 45782

Qy   1321 GGAATTCAGATTATATAAACTTCTTTTCAGGTTACAAAGAACATAAATAAATCTGGTTTCTG 1380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  45781 GGAATTCAGATTATATAAACTTCTTTTCAGGTTACAAAGAACATAAATAAATCTGGTTTTCTG 45722

Qy   1381 ATGTTATTCAAGTACTACAGCTCGTCTCAATCTTAGTTGACAGTGATTTGCCCTGTAG 1440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  45721 ATGTTATTCAAGTACTACAGCTCGTCTCAATCTTAGTTGACAGTGATTTGCCCTGTAG 45662

Qy   1441 TGTAGCACAGTGTCTGTGGGTCACGCGCCGCCTCAGCACGACACTTGAGTTTTGGTA 1500
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  45661 TGTAGCACAGTGTCTGTGGGTCACGCGCCGCCTCAGCACGACACTTGAGTTTTGGTA 45602

Qy   1501 CTACGTGTATCCACATTTTACACATGACAAGAATGAGGCATAGGCACGGCTGCTCCTGG 1560
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  45601 CTACGTGTATCCACATTTTACACATGACAAGAATGAGGCATAGGCACGGCTGCTCCTGG 45542

Qy   1561 CAAATTATTCAATGGTACACTGGCCTTTGGTGTGCTTGGTGGCAGAGCTCATGTCTCCCACTTCATAGC 1620
          ||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  45541 CAAATTTATTCAATGGTACACGGGCTTTGGTGTGCTTGGTGGCAGAGCTCATGTCTCCCACTTCATAGC 45482

Qy   1621 TATGATTCTTAAACATCACACTGCATTAGAGTGCAATATAAAATTCATGTTGAGCAG 1680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  45481 TATGATTCTTAAACATCACACTGCATTAGAGTGCAATATAAAATTCATGTTGAGCAG 45422

Qy   1681 AAATATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGTGCCAGCCATGTGTTGTCAAGCCC 1740
          |||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  45421 ATATATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGTGCCAGCCATGTGTTGTCAAGCCC 45362

Qy   1741 CAAGGGAGAGCAGGAGGGAAACAAGTCTTTACCCTTTGATATTTGCATTCTAGTGGGAGA 1800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  45361 CAAGGGAGAGCAGGAGGGAAACAAGTCTTTACCCTTTGATATTTGCATTCTAGTGGGAGA 45302

Qy   1801 GATGACAATAAGCAAATGAGCAGAAAGATATACAACATCAGGAAATCATGGTGTGTGTGA 1860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  45301 GATGACAATAAGCAAATGAGCAGAAAGATATACAACATCAGGAAATCATGGTGTGTGTGA 45242

Qy   1861 GAAGCAGAGAGTCAGGGCAAGTCACTCTGGGGCTGACACTTGAGCAGAGACATGAAGGA 1920
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  45241 GAAGCAGAGAGTCAGGGCAAGTCACTCTGGGGCTGACACTTGAGCAGAGACATGAAGGA 45182

Qy   1921 AATAAGAAATGATATTGACTGGGAGCAGTATTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCCTGGCAAG 1980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  45181 AATAAGAAATGATATTGACTGGGAGCAGTATTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCCTGGCAAG 45122

Qy   1981 TTGGATTAAAAAGCCGGGTTTCTCCAGCACTCATGTGTCTGTGTGTGTGA 2040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| -||||||||
Db  45121 TTGGATTAAAAAGCCGGGTTTCTCCAGCACTCATGTGTCTGTGTGTGT-GGGGGGGGGG 45063

Qy   2041 CGGCGTGGGGGTGGGAAGGGAGCGCGAAAGAGTGGCGTTGGGGT 2100
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  45062 CGGCGTGGGGGTGGGAAGGGAGCGCGAAAGAGTGGCGTTGGGGT 45003

Qy   2101 CCTCCCTACTCACTAGGTGCTACCCCAGTCTTGCACCAAGCAAAAATGTCTCT 2160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  45002 CCTCCCTACTCACTAGGTGCTACCCCAGTCTTGCACCAAGCAAAAATGTCTCT 44943

Qy   2161 AAACTTTGCCACATGACAAACTCCTGGTTAAGAAGCTCGGGTTGAAAAA 2220
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  44942 AAACTTTGCCACATGACAAACTCCTGGTTAAGAAGCTCGGGTTGAAAAA 44883

Qy   2221 AATAAAACAAGTAGTGCTGCCAAGAGTAGTAGGGCTCAGAAGAGGA 2280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  44882 AATAAAACAAGTAGTGCTGCCAAGAGTAGTAGGGCTCAGAAGAGGA 44823

Qy   2281 GCCACAAACAAGGTTGTGCAGGCGGCCGCCTGTAGGCTGGTGAATTCTAGCCAAGGAGTA 2340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  44822 GCCACAAACAAGGTTGTGCAGGCGGCCGCCTGTAGGCTGGTGAATTCTAGCCAAGGAGTA 44763

Qy   2341 ACAGTGATCTGTCACAGGCTTTAAAAGATTGCTTCGGCTGCTATGTGCTATGTGCAGAATG 2400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  44762 ACAGTGATCTGTCACAGGCTTTAAAAGATTGCTTCGGCTGCTATGTGCTATGTGCAGAATG 44703
```

```
Qy   2460  AAGGGAGCAACAGTAAAAGCAGGGAGCGGGAGCCCAGCGAAGCTGTTACACAGTCCAGGCAAG  2460
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  44702  AAGGGAGCAACAGTAAAAGCAGGGAGCGGGAGCCCAGCGAAGCTGTTACACAGTCCAGGCAAG  44643

Qy   2461  AGGTAGTGGAGTGGCTGGCTGGGTGGGTGGGAACAGAAAGGGAGTGACAAACCATTGTCTCCTGAA  2520
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  44642  AGGTAGTGGAGTGGCTGGCTGGGTGGGTGGGAACAGAAAGGGAGTGACAAACCATTGTCTCCTGAA  44583

Qy   2521  TATATTCTGAAGGAAGTTGCTGAAGGATTCTATGTTGTGTGAGAGAAGAGAAGAATTGG  2580
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  44582  TATATTCTGAAGGAAGTTGCTGAAGGATTCTATGTTGTGTGAGAGAAGAGAAGAATTGG  44523

Qy   2581  CTGGGTGTAGTAGCTCATGCCAAGGAGGAGCCCAAGGAGAGCAGATTCCTGAGCTCAGGA  2640
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  44522  CTGGGTGTAGTAGCTCATGCCAAGGAGGAGCCCAAGGAGAGCAGATTCCTGAGCTCAGGA  44463

Qy   2641  GTTCAAGACCAGCTGGGCAACACAGCCCTTCTACAAAAATTA  2700
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  44462  GTTCAAGACCAGCTGGGCAACACAGCCCTTCTACAAAAATTA  44403

Qy   2701  GCTGGGTGGTGGTGGCATGCACCTGTAGTCCCAGCTACTCGGGAGGCTGAGGGTA  2760
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  44402  GCTGGGTGGTGGTGGCATGCACCTGTAGTCCCAGCTACTCGGGAGGCTGAGGGTA  44343

Qy   2761  TTGCTTGAGCCCAGGAAGTTGAGGCTGCAGTGAGCCATGACTGCGCCACTGTACTTCAGC  2820
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  44342  TTGCTTGAGCCCAGGAAGTTGAGGCTGCAGTGAGCCATGACTGCGCCACTGTACTTCAGC  44283

Qy   2821  CTAGTTGACAGAGCAAGACCCTGTCTCCCCTGACCCCTGACCCCTGACCCCGA  2880
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  44282  CTAGGTGACAGAGCAAGACCCTGTCTCCCCTGACCCCTGACCCCTGACCCCCAGC  44223

Qy   2881  TGACTTGTGTCTTTATTTATTTGGCCTGAGCAGTGGGTAATTGGCAATGCCAT  2940
           |||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  44222  TGACTTGTGTCTTTATTTATTTGGCCTGAGCAGTGGGTAATTGGCAATGCCAT  44163

Qy   2941  TTCTGAGATGGTGAAGGCAGAGGAGAAAAGCAGTTGGGTAAATCAAGGATCTGCATTTG  3000
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  44162  TTCTGAGATGGTGAAGGCAGAGGAGAAAAGCAGTTGGGTAAATCAAGGATCTGCATTT-  44102

Qy   3000  GGACATGTTAAGTTGAGATTTGAGATTCCAGTCCAGTGGTCCAAGTGGTCCACATAGGCAGTT  3060
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  44103  GGACATGTTAAGTTGAGATTTGAGATTCCAGTCCAGTGGTCCAAGTGGTCCACATAGGCAGTT  44044

Qy   3061  CAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGGCACGGTGGCTCACTTCTGTAATCCCAGCACT  3120
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  44043  CAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGGCACGGTGGCTCACTTCTGTAATCCCAGCACT  43984

Qy   3121  TTGGTGGCTGGAGGCAGTAGATCATTTGAGGTCAGGAGTTTGAGGACAAGCTTGGCCAACA  3180
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  43983  TTGGTGGCTGGAGGCAGTAGATCATTTGAGGTCAGGAGTTTGAGGACAAGCTTGGCCAACA  43924

Qy   3181  TGGTGAAACCCCATGTCTACTACTAAAAATACAAAAATTAGCCTGGTGTGGTGGCGCCACGCCT  3240
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  43923  TGGTGAAACCCCATGTCTACTACTAAAAATACAAAAATTAGCCTGGTGTGGTGGCGCCACGCCT  43864

Qy   3241  ATAGTCCCAGTTTTCAGGAGGCTGAGGCAGGAGAATCCCTTGGTGATAGAGTGAGACTCTGT  3300
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  43863  ATAGTCCCAGTTTTCAGGAGGCTGAGGCAGGAGAATCCCTTGGTGATAGAGTGAGACTCTGT  43804

Qy   3301  TTGGTGAGTGAGGCTGAGATTTGCCCTGCCACTGCAGGAGGCTTAGGGAGGAATGAAGGAATTATTCCTCAGGATT  3360
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  43803  TTGGTGAGTGAGGCTGAGATTTGCCCTGCCACTGCAGGAGGCTTAGGGAGGAATGAAGGAATTATTCCTCAGGATT  43744

Qy   3361  CTC---AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA  3416
           ||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  43743  CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA  43684

Qy   3417  TGGGTCTAATTTGCCCTGAGTTCAACTACCACCAACCAATTCCTCAGAATT  3476
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  43683  TGGGTCTAATTTGCCCTGAGTTCAACTACCACCAACCAATTCCTCAGAATT  43624

Qy   3477  TAACATTTTCTAGAATCACCAGCTTTAGTGGACTGCATTGTCTAATCATGAGTATTGGAATA  3536
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```
```
Db  43623  TAACATTTTCTAGAATCACCAGCTTTAGTGGACTGCATTGTCTAATCATGAGTATTGGAATA  43564

Qy   3596  GGATCTGGGGCAGTGACGGGGTGGCAGCCACCGTGTGCAGAGAAAGCACCACAAGGCAAA  3596
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  43563  GGATCTGGGGCAGTGACGGGGTGGCAGCCACCGTGTGCAGAGAAAGCACCACAAGGCAAA  43504

Qy   3656  GAGCACCCAGGACTGTCATATGGGAGAAAGACAGGACTGCAACTCACCCTTCACAAAATG  3656
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  43503  GAGCACCCAGGACTGTCATATGGGAGAAAGACAGGACTGCAACTCACCCTTCACAAAATG  43444

Qy   3716  AGGACCAGCACACAGCCTGATGGTATGATGGTGTGGCAGGTGTGTGGAGGCTCAACATCCTGC  3716
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  43443  AGGACCAGCACACAGCCTGATGGTATGATGGTGTGGCAGGTGTGTGGAGGCTCAACATCCTGC  43384

Qy   3776  TCCCCTCCTACTACACATGGTTAAGGCCTGTTGCTCTGTCCTCCCCAGTTCACACTCTCTGC  3776
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  43383  TCCCCTCCTACTACACATGGTTAAGGCCTGTTGCTCTGTCCTCCCCAGTTCACACTCTCTGC  43324

Qy   3836  ACTACCTCTTCATGGGTGCCTCAGAGCAGGAGGGTCTTTCCTTGTTGAAGCTTTGG  3836
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  43323  ACTACCTCTTCATGGGTGCCTCAGAGCAGGAGGGTCTTTCCTTGTTGAAGCTTTGG  43264

Qy   3896  GCTACGTCGATGACCAGCTGTTCTGTTCTATGATCATGAGAGTCGCCGTGTGGAGCCCC  3896
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  43263  GCTACGTCGATGACCAGCTGTTCTGTTCTATGATCATGAGAGTCGCCGTGTGGAGCCCC  43204

Qy   3956  GAACTCCATGGGTTTCCAGTAGAATTCAAGCCAGATGTGGCTGCAGCTGACTCAGAGTC  3956
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  43203  GAACTCCATGGGTTTCCAGTAGAATTCAAGCCAGATGTGGCTGCAGCTGACTCAGAGTC  43144

Qy   4016  TGAAAGGTGGGATCACATGTTCACTGTTGACTTCTCGACTATTATGGAAAATCACAACC  4016
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  43143  TGAAAGGTGGGATCACATGTTCACTGTTGACTTCTCGACTATTATGGAAAATCACAACC  43084

Qy   4076  ACAGCAAGGTATGTGGAGAGGGGCCTCACCTTCCTGAGGTTGTCAGAGCTTTCATCT  4076
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  43083  ACAGCAAGGTATGTGGAGAGGGGCCTCACCTTCCTGAGGTTGTCAGAGCTTTCATCT  43024

Qy   4136  TTTCATGCATCTTGAAGGAAACAGCTGGAAGTCTGTGGGAGCAGGGAAGAGG  4136
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  43023  TTTCATGCATCTTGAAGGAAACAGCTGGAAGTCTGTGGGAGCAGGGAAGAGG  42964

Qy   4196  GAAGGAATTGCTTCCTGAGATCATTTGGTCTCCTGAGAGGTGGAAATAGGGACCTATT  4196
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  42963  GAAGGAATTGCTTCCTGAGATCATTTGGTCTCCTGAGAGGTGGAAATAGGGACCTATT  42904

Qy   4256  CCTTTGGTTGCAGTTAACAAGGCTGGGGATTTTCCAGAGTCCCACCCTGCAGTCCAT  4256
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  42903  CCTTTGGTTGCAGTTAACAAGGCTGGGGATTTTCCAGAGTCCCACCCTGCAGTCCAT  42844

Qy   4316  CCTGGGCTGTGAAATGCAAGAACTGGAAGTCTACGGGGCTACTGGAAGTACCGGGTATGA  4316
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  42843  CCTGGGCTGTGAAATGCAAGAACTGGAAGTCTACGGGGCTACTGGAAGTACCGGGTATGA  42784

Qy   4376  TGGGTGCAGGACCACCTTGAGTGGGAAAAGGCACAAGGAGACAGAACCCAG  4376
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  42783  TGGGTGCAGGACCACCTTGAGTGGGAAAAGGCACAAGGAGACAGAACCCAG  42724

Qy   4436  GGCCTGGCCCACCAAGCTGGAGTGGCCAGGCAGCCAGGCCAGGCAGGGGC  4436
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  42723  GGCCTGGCCCACCAAGCTGGAGTGGCCAGGCAGCCAGGCCAGGCAGGGGC  42664

Qy   4496  CTACCTGGAGAGGGACTCCCTGCCCAGCTGCAGCTGCGCAGCTACTACTCAGTGGCAGAGTGT  4496
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  42663  CTACCTGGAGAGGGACTCCCTGCCCAGCTGCAGCTGCGCAGCTACTACTCAGTGGCAGAGTGT  42604

Qy   4556  TTTGGACAACAAGGTATGTGGAAACACACTTCTGCCCCTATACTCTAGTGCAGAGTG  4556
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  42603  TTTGGACAACAAGGTATGTGGAAACACACTTCTGCCCCTATACTCTAGTGCAGAGTG  42544

Qy   4616  GAGGAGGTTGCAGGGCACGGAATCCCTGGTTGCAGGGCCGGATCCCTGGTTCAGAGTGCTGAGGCTGTGTG  4616
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  42543  GAGGAGGTTGCAGGGCACGGAATCCCTGGTTGCAGGGCCGGATCCCTGGTTCAGAGTGCTGAGGCTGTGTG  4557
```

```
Db 42543 GAGGAGGTTGCAGGGCACGGAATCCCTGGTTCGAGTTTCAGAGGTGGCTGAGGCTGTGTG 42484

Qy  4617 CCTCTCCAAATTCTGGGAAGGGACTTCTCAATCCTAGAGTCTCTACCTTATAATTGAGA  4676
         ||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 42483 CCTCTCCAAATTCTGGGAAGGGACTTCTCAATCCTAGAGTCTCTACCTTATAATTGAGA 42424

Qy  4677 TGTATGAGACAGCCACCAAGTCATGGTTTAATTCTTTCTCCATGCATATGGCTCAAAG  4736
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 42423 TGTATGAGACAGCCACCAAGTCATGGTTTAATTCTTTCTCCATGCATATGGCTCAAAG 42364

Qy  4737 GGAAGTGTCTATGGCCCTTGCTTTTATTTAACCAATAATCTTTGTATATTTATATCCTG  4796
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 42363 GGAAGTGTCTATGGCCCTTGCTTTTATTTAACCAATAATCTTTGTATATTTATATCCTG 42304

Qy  4797 TTAAAAATTCAGAAATGTCAAGGCCGGCACGGTGGCTCACGCCTGTAATCCCAGCACTT  4856
         |||||||||||||||||||||||||||||||||           |||||||||||||||
Db 42303 TTAAAAATTCAGAAATGTCAAGGCCGGCACGG_CGGCCCGGCACCCTGTAATCCCAGCACTT 42244

Qy  4857 TGGGAGGCCGAGGCGGGTGGTGGTGCGGTGGGCTCACAAGTTCAGGAGTTCGACCAACATGG  4916
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 42243 TGGGAGGCCGAGGCGGGCGGTGGTGCGGTGGGCTCACAAGTTCAGGAGTTTGAGACCAACATGG 42184

Qy  4917 TGAAACCCGTCTCTAAAAAATACAAAAATTAGCTGGTCACAGTGCACCTGTAGT  4976
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 42183 TGAAACCCGTCTCTAAAAAATACAAAAAATAGCTGGTCGTGCACAGTGCACCTGTAGT 42124

Qy  4977 CCCAGCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGAGAATCGCTTGAACCTGGGAAGGCGGAAGTTGCA  5036
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 42123 CCCAGCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGAGAATCGCTTGAACCTGGGAAGGCGGAAGTTGCA 42064

Qy  5037 CTGAGCCAAGATCGCGCCACTGCACTCCAGCCTGGGCGACAGAGCGAGACTCCATCTTAA  5096
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 42063 CTGAGCCAAGATCGCGCCACTGCACTCCAGCCTGGGCGACAGAGCGAGACTCCATCTT 42004

Qy  5097 AAAAAAAAAAAAAAAAGAGAATTCAGAGATCTCAGCTATCATGATAATGAATACCAGGA  5156
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 42005 AAAAAAAAAAAAAAAAGAGAATTCAGAGATCTCAGCTATCATGATAATGAATACCAGGA 41946

Qy  5157 CAAAATATCAGATGAGCCCACTTATCAGAGTAGAGAATCCTTTAGGTTAAAAGTTTCTT  5216
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 41945 CAAAATATCAGATGAGCCCACTTATCAGAGTAGAGAATCCTTTAGGTTAAAAGTTTCTT 41886

Qy  5217 TCATAGAACATAGCAATAAATCACTGAAGCTACCATCTTACAGAGTCCGCTTCTTATAACA  5276
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 41885 TCATAGAACATAGCAATAAATCACTGAAGCTACCATCTTACAGAGTCCGCTTCTTATAACA 41826

Qy  5277 ATGCCTTCCTAGGTTGACCCCAGGTGAACTGCCAGTGGTGTTCAAGAGTCGAATCATTTTCAATGCAC  5336
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 41825 ATGCCTTCCTAGGTTGACCCCAGGTGAACTGCCAGTGGTGTTCAAGAGTCGAATCATTTTCAATGCAC 41766

Qy  5337 ATAAAGGGCAATTTATCATCGATCGAGCAAGAACAAAGAACATGGGTAACAGTATATTTACA  5396
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 41765 ATAAAGGGCAATTTATCATCGATCGAGCAAGAACAAAGAACATGGGTAACAGTATATTTACA 41706

Qy  5397 TGTGAGGAGAACAAAAATGGTGTCTCTCCTGTAGCTTGTTTTTTCTGAAAAGGTATTTCCTTC  5456
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 41705 TGTGAGGAGAACAAAAATGGTGTCTCTCCTGTAGCTTGTTTTTTCTGAAAAGGTATTTCCTTC 41646

Qy  5457 TAGGACACAAAAATGGTCTCTCGTGTCTCCTGTAGCTTGTTTCCAGTCTTTGGAAAGGTCCCC  5516
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 41645 TAGGACACAAAAATGGTCTCTCGTGTCTCCTGTAGCTTGTTTCCAGTCTTTGGAAAGGTCCCC 41586

Qy  5517 CTCCAACTATAGAAGGAAGTGAAAGTTCCTGTCTCCTGCGGCCTCTTTGGTGAAGGTGACACATGT  5576
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 41585 CTCCAACTATAGAAGGAAGTGAAAGTTCCTGTCTCCTGCGGCCTCTTTGGTGAAGGTGACACATGT 41526

Qy  5577 TCTCCCTCCATCTTCCTTCCCTCGTGCAAGGTGCCTCCTTTGGTGAAGGTGACACTACATGT  5636
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 41525 TCTCCCTCCATCTTCCTTCCCTCGTGCAAGGTGCCTCCTTTGGTGAAGGTGACACTACATGT 41466

Qy  5637 GACCTCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGGGCCTTGGCCCTTGAACTACTACCCCCAGAACATCAC  5696
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 41465 GACCTCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGGGCCTTGGCCCTTGAACTACTACCCCCAGAACATCAC 41406
```

```
Qy  5697 CATGAAGTGGCTGAAGGATAAGCAGCCAATCGATGCCAAGGAGTTCGAACCTAAAGACGT  5756
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 41405 CATGAAGTGGCTGAAGGATAAGCAGCCAATCGATGCCAAGGAGTTCGAACCTAAAGACGT 41346

Qy  5757 ATTGCCCAATGGGATGGGACCTACCAGGGCTGGATAACCTTGGCTGTACCCCCTGGGGA  5816
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 41345 ATTGCCCAATGGGATGGGACCTACCAGGGCTGGATAACCTTGGCTGTACCCCCTGGGGCT 41286

Qy  5817 AGAGCAGAGATATACGGTACCAGGTGGAGCACCAGGCCCTGATCACGCCCCTCATTGTGAT  5876
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 41285 AGAGCAGAGATATACGGTACCAGGTGGAGCACCAGGCCCTGATCAGCGCCCCTCATTGTGAT 41226

Qy  5877 CTGGGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGCCTGAGAAATCTATTGGGGGTTGAGAGGAG  5936
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 41225 CTGGGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGCCTGAGAAATCTATTGGGGGTTGAGAGGAG 41166

Qy  5937 TGCCTGAGGAGTAATTATGGCAGTGAGATGAGATCTGCTCTTTGTTCGTCATCTTGTTCATTGGA  5996
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 41165 TGCCTGAGGAGTAATTATGGCAGTGAGATGAGATCTGCTCTTTGTTCGTCATCTTGTTCATTGGA 41106

Qy  5997 GAGGGTGGCAATCAAAGGCTTTAACTGCTTCACCGTCACCCTCACCGTCTGGC  6056
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 41105 GAGGGTGGCAATCAAAGGCTTTAACTGCTTCACCGTCACCCTCACCGTCTGGC 41046

Qy  6057 ACCCTAGTCATTGGAGTCATCAGTGGAATTGCTCTTGTTTTGTCGTCATCTTGTTCATTGGA  6116
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 41045 ACCCTAGTCATTGGAGTCATCAGTGGAATTGCTCTTGTTTTGTCGTCATCTTGTTCATTGGA 40986

Qy  6117 ATTTTGTTCATAATATTAAGGAAGAGGCAGGGTTCAAGTGAGTAGGAACAAGGGGGAAGT  6176
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 40985 ATTTTGTTCATAATATTAAGGAAGAGGCAGGGTTCAAGTGAGTAGGAACAAGGGGGAAGT 40926

Qy  6177 CTCTTAGTACCTCTGCCCCAGGGGCACAGTGGGACAGAGGGCAGCAGAGGGATCTGGCATCCA  6236
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 40925 CTCTTAGTACCTCTGCCCCAGGGGCACAGTGGGACAGAGGGCAGCAGAGGGATCTGGCATCCA 40866

Qy  6237 TGGAAGCCATTTTCTCATTTATATTCTTTGGGACCACCAGCTCCCTGGGAGACAGA  6296
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 40865 TGGAAGCCATTTTCTCATTTATATTCTTTGGGACCACCAGCTCCCTGGGAGACAGA 40806

Qy  6297 AAATAATGGTTCTCCCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCAACAAAACATCTTCAGAGCCACCTA  6356
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 40805 AAATAATGGTTCTCCCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCAACAAAACATCTTCAGAGCCACCTA 40746

Qy  6357 CTATTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTAGTACAGGGATGTTGAGGTTGAGAAGTGACTGTGG  6416
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 40745 CTATTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTAGTACAGGGATGTTGAGGTTGAGAAGTGACTGTGG 40686

Qy  6417 GAAGACCCCAAATCGGGATCCTAAAGCAGCAGGAAGCTTAGGGTGTCAAAGGAAG  6476
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 40685 GAAGACCCCAAATCGGGATCCTAAAGCAGCAGGAAGCTTAGGGTGTCAAAGGAAG 40626

Qy  6477 AATGATCACATTCAGCTGAGGTTGAAGATGATTGGGAGGATTAAATGGATCCTGAAGGAAGCTGAT  6536
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 40625 AATGATCACATTCAGCTGAGGTTGAAGATGATTGGGAGGATTAAATGGATCCTGAAGGAAGCTGAT 40566

Qy  6537 TCCATTAGGTGAGGTTGAAGAGCAATACTGGGAGGATTAGGGTGTCAAGGAAGCAACCATGCCAAGT  6596
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 40565 TCCATTAGGTGAGGTTGAAGAGCAATACTGGGAGGATTAGGGTGTCAAGGAAGCAACCATGCCAAGT 40506

Qy  6597 AGGAGAGTATAAGGCATACTGGGAGGATTAGAAATAATTACTGTACCTTAACCCTTAGTTT  6656
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 40505 AGGAGAGTATAAGGCATACTGGGAGGATTAGAAATAATTACTGTACCTTAACCCTTAGTTT 40446

Qy  6657 TCCATTAGGTGAGGTTGAAGTGCAAGGTGCCTCCAAGGAGAGTATAAGGCATACTGCCAAGT  6716
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 40445 TCCATTAGGTGAGGTTGAAGTGCAAGGTGCCTCCAAGGAGAGTATAAGGCATACTGCCAAGT 40386

Qy  6717 GCGTAGCTATCACCAATTATGCATTTCTACCCCCTGAACATCGTGTGGTGTAGGGAA  6776
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 40385 GCTTAGCTATCACCAATTATGCATTTCTACCCCCTGAACATCGTGTGGTGTAGGGAA 40326
```

```
Qy   6777 AAGAGAATCAGAAAGAAGCCAGCTCATACAGAGTCCCAAGGGTCTTTGGGATATTGGGTT 6836
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||| |||||||||
Db  40325 AAGAGAATCAGAAAGAAGCCAGCTCATACAGAGTCTTCATACGGGTCTTTGGGAATATTGGGTT 40266

Qy   6837 ATGATCACTCGGGGTGTCATTGAAGAGTTCATTGAAGGATCTCAAGAAAGGAGGACCACGATCTCCCTATAT 6896
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  40265 ATGATCACTCGGGGTGTCATTGAAGAGTTCATTGAAGGATCTCAAGAAAGGAGGACCACGATCTCCCTATAT 40206

Qy   6897 GGTGAATGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGAGGTGAGGAGACCAGTTAGAAAGCCAATAA 6956
          |||||||||||||||||||||||||||||||||     |||||||||||||||||||||
Db  40205 GGTGAATGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGAGGTGAGGAGACCAGTTAGAAAGCCAATAA 40146

Qy   6957 GCATTTCCAGATGAGAGAGTAATGGTTCTTGAAATCCAATAGTGCCCAGGTCTAAATTGAG 7016
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  40086 GCATTTCCAGATGAGAGAGTAATGGTTCTTGAAATCCAATAGTGCCCAGGTCTAAATTGAG 40086

Qy   7017 ATGGGTGAATGAGAGAAAATAAGGAAGAGAGAGGCAAGAGTGCCTAGGTTTGTGAT 7076
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  40085 ATGGGTGAATGAGAGAAAATAAGGAAGAGAGAGGCAAGAGTGCCTAGGTTTGTGAT 40026

Qy   7077 GCCTCTTTCCTGGGTCTCTGTCTCCAGGAGGAGCCATGGGCACTACGTCTTAGCTG 7136
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  40025 GCCTCTTTCCTGGGTCTCTGTCTCCAGGAGGAGCCATGGGCACTACGTCTTAGCTG 39966

Qy   7196 AACGTGAGTGACACGCAGCCTGCAGACTCACTGTGGGAGGAGACAAAACTAGAGACTCA 7196
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  39965 AACGTGAGTGACACGCAGCCTGCAGACTCACTGTGGGAGGAGACAAAACTAGAGACTCA 39906

Qy   7197 AAGAGGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCATGTTTCAGGAGACTCTTCAGGAGACTAAACATAGA 7256
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  39905 AAGAGGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCATGTTTCAGGAGACTCTTCAGGAGACTAAACATAGA 39846

Qy   7257 AATTGCCTACGAACTCCTTGATTTTAGCCTTCTGTTTCATTTCCTATTTTCCTTAAATTTCC 7316
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  39845 AATTGCCTACGAACTCCTTGATTTTAGCCTTCTGTTTCATTTCCTATTTTCCTTAAATTTCC 39786

Qy   7317 CCATTTAGGTTTCTGAGTCGCGGTGATCGCCGTGGTGACCCTCTCCCCTGA 7376
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  39785 CCATTTAGGTTTCTGAGTCGCGGTGATCGCCGTGGTGACCCTCTCCCCTGA 39726

Qy   7377 ACTGTCTCTCAAGCTGTCATCCTGAGAGCTTCCTTGTCATTGCATTTTCTCCGGTCACCTC 7436
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  39725 ACTGTCTCTCAAGCTGTCATCCTGAGAGCTTCCTTGTCATTGCATTTTCTCCGGTCACCTC 39666

Qy   7437 AGAGACATACACCTATGTCATTTCATTTCCTATTTTGGAAGAGGACTCCTTAAATTTGG 7496
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  39665 AGAGACATACACCTATGTCATTTCATTTCCTATTTTGGAAGAGGACTCCTTAAATTTGG 39606

Qy   7497 GGGACTTACATGATTCATTTTAACATCTGAGAAAAGCTTTGAACCCTGGACGTTGGCTAG 7556
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  39605 GGGACTTACATGATTCATTTTAACATCTGAGAAAAGCTTTGAACCCTGGACGTTGGCTAG 39546

Qy   7557 TCATAACCTTACCAGATTTTTACACAGTATCATGTGGGTAGTATGATGGGTGTTTT 7616
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  39545 TCATAACCTTACCAGATTTTTACACAGTATCATGTGGGTAGTATGATGGGTGTTTT 39486

Qy   7617 TCCTTTGAATCCTCTCTGTACCCAGTAACTCATCTCGGTCACCAAGCCTTCAACTTT 7676
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  39485 TCCTTTGAATCCTCTCTGTACCCAGTAACTCATCTCGGTCACCAAGCCTTCAACTTT 39426

Qy   7677 CTTCCATCTGATTGTGTGAGTGAGTGCACAGCTATGAAGGCTGTACACTGCACGAATGGA 7736
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  39425 CTTCCATCTGATTGTGTGAGTGAGTGCACAGCTATGAAGGCTGTACACTGCACGAATGGA 39366

Qy   7737 AGAGGACTAGGAGGCAAATATCCCCAGAAAAAGCCATCATGGCTTGTACCCTGGTAGTATGATGGGTGTTTTT 7796
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  39365 AGAGGACTAGGAGGCAAATATCCCCAGAAAAAGCCATCATGGCTTGTACCCTGGTAGTATGATGGGTGTTTTT 39306

Qy   7797 TAGCAGGTAGGAGGCAAATATCTTCAAGGGGTTGTGAAAGAGGTTGTTTTTTTCTAATTGGC 7856
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  39305 TAGCAGGTAGGAGGCAAATATCTTCAAGGGGTTGTGAAAGAGGTTGTTTTTTTCTAATTGGC 39246

Qy   7857 ATGAAGGTGTCATACAGATTTGCAAAGTTTAATGGTGCCTTCATTGGATGCGTACTCTA 7916
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db  39245 ATGAAGGTGTCATACAGATTTGCAAAGTTTAATGGTGCCTTCATTGGATGCGTACTCTA 39186

Qy   7917 GTATTCCAGACCTGAAGAATCACAATAATTTTCTACCTGGTCTCTCCTGTTCTGATAAT 7976
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  39185 GTATTCCAGACCTGAAGAATCACAATAATTTTCTACCTGGTCTCTCCTGTTCTGATAAT 39126

Qy   7977 GAAAATTATGATAAGAACACTTACTTCGTGTCCGACTCTTCTGAGCCACCTA 8036
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  39125 GAAAATTATGATAAGAACACTTACTTCGTGTCCGACTCTTCTGAGCCACCTA 39066

Qy   8037 CTTACATGCATTACTGCACTTCTTACAATAATTCTATGAGATAGGTACTATTATCC 8096
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  39065 CTTACATGCATTACTGCACTTCTTACAATAATTCTATGAGATAGGTACTATTATCC 39006

Qy   8097 CCATTTCTTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGTAGGCCGGGCACGGTGGCTCACGCCTGTAA 8156
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  39005 CCATTTCTTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGTAGGCCGGGCACGGTGGCTCACGCCTGTAA 38946

Qy   8157 TCCCAGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGGCGGATCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCC 8216
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  38945 TCCCAGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGGCGGATCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCC 38886

Qy   8217 TGGCTAACACGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTG 8276
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  38885 TGGCTAACACGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTG 38826

Qy   8277 GCAGACGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGGAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCATGAACCCAG 8336
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  38825 GCAGACGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGGAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCATGAACCCAG 38766

Qy   8337 GAGGCAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTGCGCCACTGCACTCCAGCCTGACAGAGT 8396
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  38765 GAGGCAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTGCGCCACTGCACTCCAGCCTGACAGAGT 38706

Qy   8397 GAGACTCCATCCAAAAATAAAAATAAAAATAAAAATGAAAAAAAAGAAAAGTGA 8456
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  38705 GAGACTCCATCCAAAAATAAAAATAAAAATAAAAATGAAAAAAAAGAAAAGTGA 38646

Qy   8457 AGTATAGAGTATCTCATAGTTTGTCAGTGATAGAAACAGTTTCAAACTCAGTCAATCTG 8516
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  38645 AGTATAGAGTATCTCATAGTTTGTCAGTGATAGAAACAGTTTCAAACTCAGTCAATCTG 38586

Qy   8517 ACCGTTTGATACATCTCAGACACACCACCACTACATTCAGTAGTTTAGATGCCTAGAATAAATAG 8576
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  38585 ACCGTTTGATACATCTCAGACACACCACCACTACATTCAGTAGTTTAGATGCCTAGAATAAATAG 38526

Qy   8577 AGAAGGAAGGAGGATGGCTCTTCTGTCCATTGGTTGTTCTTCTCAGTGAGCTTGAATC 8636
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  38525 AGAAGGAAGGAGGATGGCTCTTCTGTCCATTGGTTGTTCTTCTCAGTGAGCTTGAATC 38466

Qy   8637 ACATGAAGGGAACAGCAGCAGAAAACAACCAACTGATCCTCAGCGTGTCATGTTCCTTTAAA 8696
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  38465 ACATGAAGGGAACAGCAGCAGAAAACAACCAACTGATCCTCAGCGTGTCATGTTCCTTTAAA 38406

Qy   8697 AGTCCCTGAAGGAAGTCCTGGAATGGACTCCCCTTGCTCCTCGTCTTGGCA 8756
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  38405 AGTCCCTGAAGGAAGTCCTGGAATGGACTCCCCTTGCTCCTCGTCTTGGCA 38346

Qy   8757 TTCATTTCTTTGGACCCTACGCAAGGACTGTAATTGGTGGGGACAGCTAGTGCCCTGCT 8816
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  38345 TTCATTTCTTTGGACCCTACGCAAGGACTGTAATTGGTGGGGACAGCTAGTGCCCTGCT 38286

Qy   8817 GGGCTTCACACACGGTGTCCCCTGGAATGCAGCCCAGTCGAGTTCAGAACTCTGGTGTA 8876
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  38285 GGGCTTCACACACGGTGTCCCCTGGAATGCAGCCCAGTCGAGTTCAGAACTCTGGTGTA 38226

Qy   8877 TTTCCCTCAATGAGTGGGTAAGCTCTCATTTTGACATGGTATAATGGAAGCCACCA 8936
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  38225 TTTCCCTCAATGAGTGGGTAAGCTCTCATTTTGACATGGTATAATGGAAGCCACCA 38166

Qy   8937 AGTGGCTTAGAGAATGCCCAGGTCCTTCCATGGAGCCACTCGGGTTCCGGTGCACATTAA 8996
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db 38165 AGTGGCTTAGAGGATGCCCAGTGCTTCCTTCCATGGAGCCACTGGGGTTCCGGTCGCACATTAA 38106

Qy  8997 AAAAAAAATCTAACCAGGACAATTCAGGAATTGCTAGATTCTGGGAAATCAGTTCACCATG 9056
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 38105 AAAAAAAATCTAACCAGGACAATTCAGGAATTGCTAGATTCTGGGAAATCAGTTCACCATG 38046

Qy  9057 TTCAAAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTTGAGACTCTATTGCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCA 9116
         ||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 38045 TTCAAAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTTTGAGACTCTATTGCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCA 37986

Qy  9117 TGATCTCGGCTCACTGCTAACCTCCGCCTCCCAGGTTCAAGCGATTCTCCTGTCTCAGCCT 9176
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 37985 TGATCTCGGCTCACTGCTAACCTCCGCCTCCCAGGTTCAAGCGATTCTCCTGTCTCAGCCT 37926

Qy  9177 CCCAAGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCATGCCCGGCTAATTTTTGTATTTTTAG 9236
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 37925 CCCAAGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCATGCCCGGCTAATTTTTGTATTTTTAG 37866

Qy  9237 TAGAGACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCCTCGTGACCTCGTGATC 9296
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 37865 TAGAGACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCCTCGTGACCTCGTGATC 37806

Qy  9297 CGCCTCGCCTCCGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGTGTGAGCCACCCTGCCCAGCCGT 9356
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 37805 CGCCTCGCCTCCGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGTGTGAGCCACCCTGCCCAGCCGT 37746

Qy  9357 CAAAAGAGTCTTAATATATAATATCCAGATGGCATGGTGTTTTACTTTATGTTACTACATGCA 9416
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 37745 CAAAAGAGTCTTAATATATAATATCCAGATGGCATGGTGTTTTACTTTATGTTACTACATGCA 37686

Qy  9417 CTTGGCTGCATAAATGTGGTACAAGCATTCGTCCTGAAGGGCAGGTGCTTCAGGATACC 9476
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 37685 CTTGGCTGCATAAATGTGGTACAAGCATTCGTCTGTCTTGAAGGGCAGGTGCTTCAGGATACC 37626

Qy  9477 ATATACAGCTCAGAAGTTTCTTTTTTCTTTTTTGTGGTTAGAAAAGTATGTAGAAAATGTG 9536
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 37625 ATATACAGCTCAGAAGTTTCTTTTTTCTTTTTTGTGGTTAGAAAAGTATGTAGAAAATGTG 37566

Qy  9537 TCTTTTAAACCATTTTCTTTTTTGTGTTTAGGTTAGAAAAGTAGTGATTATTTAATTAG 9596
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 37565 TCTTTTTAAACCATTTTCTTTTTTGTGTTTAGGTTAGAAAAGTAGTGATTATTTAATTAG 37506

Qy  9597 ATTTACGGCTCATTGTGAGAAAATGTATAAAATGAATACAATTAAAGCTGTTATTATTTAG 9656
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 37505 ATTTACGGCTCATTGTGAGAAAATGTATAAAATGAATACAATTAAAGCTGTTATTATTTAG 37446

Qy  9657 CCAGTGAAAAACTATTAACAACTGTCTATTACCTGTTAGTAATATTGTTGCATTAAAAA 9716
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 37445 CCAGTGAAAAACTATTAACAACTGTCTATTACCTGTTAGTAATATTGTTGCATTAAAAA 37386

Qy  9717 TGCATATACTTTAATAAATGTATATGTATTCATGATTTTATTGAAGTTGTT 9776
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 37385 TGCATATACTTTAATAAATGTATATGTATTCATGATTTTATTGAAGTTCTT 37326

Qy  9777 GTTCATCTGTGTATATACTTAATCGCTTTGTCATTTGTGTAGCCGAATTAATCG 9836
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 37325 GTTCATCTGTGTATATACTTAATCGCTTTGTCATTTGTGTAGCCGAATTAATCG 37266

Qy  9837 ATTTCTTTACATTTGTCTTTACGGAATATTTTCATTCAACTGTGTAGCCGAATTAATCG 9896
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 37265 ATTTCTTTACATTTGTCTTTACGGAATATTTTCATTCAACTGTGTAGCCGAATTAATCG 37206

Qy  9897 TGTTTCTTCACTCTAGGGACATTGTCGTCTAAGTTGTAAGACATTGGTTATTTTACCAGC 9956
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 37205 TGTTTCTTCACTCTAGGGACATTGTCGTCTAAGTTGTAAGACATTGGTTATTTTACCAGC 37146

Qy  9957 AAACCATTCTGAAAGCATATGACAAATATTTCTCTTAAATCTTACTATACTGAAAG 10016
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 37145 AAACCATTCTGAAAGCATATGACAAATATTTCTCTTAAATCTTACTATACTGAAAG 37086

Qy 10017 CAGACTGCTATAAGGCTTCACTTACTCTTCTCACCTCATAAGGAATATGTTACAATTAATT 10076
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 37085 CAGACTGCTATAAGGCTTCACTTACTCTTCTCACCTCATAAGGAATATGTTACAATTAATT 37026
```

```
Qy 10077 TATTAGGTAAGCATTGTTTTATATGTTTTATTCACCTGGGCTGAGATTTCAAGAAA 10136
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 37025 TATTAGGTAAGCATTGTTTTATATGTTTTATTCACCTGGGCTGAGATTTCAAGAAA 36966

Qy 10137 CACCCAGTCTTCACGTAACACATTCACTCAACACATTACTAAACATCAGCAACTGTG 10196
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 36965 CACCCCAGTCTTCACGTAACACATTCACTCAACACATTACTAAACATCAGCAACTGTG 36906

Qy 10197 GCCTGTTAATTTTTTTAATGAAATTTAAGTCCTCATTTTCTTCGGTGTTTTTAAGC 10256
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 36905 GCCTGTTAATTTTTTTAATGAAATTTAAGTCCTCATTTTCTTCGGTGTTTTTAAGC 36846

Qy 10257 TTAATTTTCTGGCTTATTCATAAATTCTTAAGGTCAACTACATTTGAAAAATCAAAGA 10316
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 36845 TTAATTTTTCTGGCTTATTCATAAATTCTTAAGGTCAACTACATTTGAAAAATCAAAGA 36786

Qy 10317 CCTGCATTTTAAATTCTTATTCACCTCTGGCAAAACCATTCACAAACCATGGTAGTAAAG 10376
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 36785 CCTGCATTTTAAATTCTTATTCACCTCTGGCAAAACCATTCACAAACCATGGTAGTAAAG 36726

Qy 10377 AGAAGGGTGACACCTGGTGCCATAGGTAAATGTACCACGGTCCGGTGACCAGAGAT 10436
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 36725 AGAAGGGTGACACCTGGTGCCATAGGTAAATGTACCACGGTCCGGTGACCAGAGAT 36666

Qy 10437 GCAGCGCTGAGGGTTTCCTGAAGGTAAAGGAATAAAGAATGGTGGAGGGGCGTGCACT 10496
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 36665 GCAGCGCTGAGGGTTTCCTGAAGGTAAAGGAATAAAGAATGGTGGAGGGGCGTGCACT 36606

Qy 10497 GGAAATCACTTGTAGAGAAAAGCCCCTGAAAATTTGAGAAAACAAACAAGAAACTACTTA 10556
         ||||||||||||||||||||||||||  ||||||||||||||||||||||||||||||
Db 36605 GGAAATCACTTGTAGAGAAAAGCCCAGAAAAATTTGAGAAAACAAACAAGAAACTACTTA 36546

Qy 10557 CCAGCTATTTGAATTGCTGAATCACAGGCCATTGCTGCCTGAGCTGCGAGCTGGGAACACA 10616
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 36545 CCAGCTATTTGAATTGCTGAATCACAGGCCATTGCTGCCTGAGCTGCGAGCTGGGAACACA 36486

Qy 10617 ACAGAAGGAAAACAAACCACTCTGATAATCATTGAGTCAAGTCAAGTACAGCAGGTGATTGAGGA 10676
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||  |||||||||||||||||||
Db 36485 ACAGAAGGAAAACAAACCACTCTGATAATCATTGACTCAAGTCAAGTACAGCAGGTGATTGAGGA 36426

Qy 10677 CTGCTGAGAGGTACAGGCCAAATTCTTATGTGTATTATAATGTCATCTTATATA 10736
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 36425 CTGCTGAGAGGTACAGGCCAAATTCTTATGTGTATTATAATGTCATCTTATATA 36366

Qy 10737 CTGTCAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTCACACACATTTAAAAACAAAACACTG 10796
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 36365 CTGTCAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTCACACACATTTAAAAACAAAACACTG 36306

Qy 10797 TCTCTAAAATCCCCAAATTTTCATAAAC 10825
         ||||||||||||||||||||||||||||
Db 36305 TCTCTAAAATCCCCAAATTTTCATAAAC 36277
```

```
PD   09-APR-1998.
XX
PF   30-SEP-1997;  97WO-US17658.
XX
PR   07-MAY-1997;  97US-0852495.
PR   01-OCT-1996;  96US-0724394.
XX
PA   (PROG-) PROGENITOR INC.
XX
PI   Feder JN, Kronmal GS, Lauer PM, Ruddy DA, Thomas WJ;
PI   Tsuchihashi Z, Wolff RK;
XX
DR   WPI; 1998-240014/21.
XX
PT   Hereditary haemochromatosis gene products - used to develop products
PT   for the diagnosis and treatment of hereditary disorders in iron
PT   metabolism
XX
PS   Example 2; Fig 8; 209pp; English.
XX
CC   The present invention describes hereditary haemochromatosis gene
CC   products from the human haemochromatosis gene. The present sequence
CC   represents a hereditary haemochromatosis subregion from an individual
CC   unaffected by hereditary haemochromatosis (HH). Also described is a
CC   method to determine the presence or absence of the common hereditary
CC   haemochromatosis (HFE) gene mutation in an individual comprising:
CC   (a) providing DNA or RNA from the individual; and (b) assessing the
CC   DNA or RNA for the presence or absence of a haplotype or genotype where
CC   the presence or absence of the haplotype genotype indicates the likely
CC   presence of the HFE gene mutation in the genome of the individual. The
CC   HFE gene sequences from the present invention can be used to develop
CC   products for use in the diagnosis and treatment of HFE. The present
CC   invention also describes BTF genes, which are homologues of the milk
CC   protein butyrophilin (BT), and can be used in the production of agonists
CC   and antagonists of BT function. Also described are: (1) a RoRet gene
CC   which can be used to develop products for the study, diagnosis and
CC   treatment of lupus and Sjogren's syndrome; and (2) NPT3 and NPT4 genes
CC   which are homologues of a type 1 sodium transport gene, and can
CC   similarly be used for hypophosphatemia.
XX
SQ   Sequence 235033 BP; 68786 A; 48466 C; 49441 G; 68340 T; 0 other;

Query Match              28.7%;  Score 3109;  DB 19;  Length 235033;
Best Local Similarity    99.9%;  Pred. No. 0;
Matches  10811;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels   13;  Gaps    1;

Qy      1 TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTAAATGTATGATTGAAATTTGAAAATCATAAATATTTA 60
          ||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  47148 TCTAAGGTTGAGATAAAAATTTTTAAATGTATGATTGAAATTTGAAAATCATAAATATTTA 47089

Qy     61 AATATCTAAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTTCCCCAATCAACACACCCCT 120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  47088 AATATCTAAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTTCCCCAATCAACACACCCCT 47029

Qy    121 TCAGGATTTAAAAACCAAGGGGGACACTGGATCACCTAGTGTTTCACAAGCAGGTACCTT 180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  47028 TCAGGATTTAAAAACCAAGGGGGACACTGGATCACCTAGTGTTTCACAAGCAGGTACCTT 46969

Qy    181 CTGCTGTGAGGAGAGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTTGCTTTTCACCAGGAAGTT 240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  46968 CTGCTGTGAGGAGAGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTTGCTTTTCACCAGGAAGTT 46909

Qy    241 TTACTGGGCATCTCCTAGCCTAGGGTGACTTCTGAGGCCATCCCCG 300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  46908 TTACTGGGCATCTCCTAGCCTAGGGTGACTTCTGAGGCCATCCCCG 46849

Qy    301 TTTCCCCGGCCCCCAAAAGAGAGCGGAGATTTAACGCGGCCGGCCCAGAGCTGGGGAA 360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  46848 TTTCCCCGGCCCCCAAAAGAGAGCGGAGATTTAACGCGGCCGGCCCAGAGCTGGGGAA 46789

Qy    361 ATGGGGCCCGCGAGCCAGGCCGGCGCCTTCTCCTCCTGATGCTTTGCGAGACCGCGGTCCTG
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  46788 ATGGGCCCGCGAGCCAGGCCGGCGCCTTCTCCTCCTGATGCTTTGCGAGACCGCGGTCCTG 46729

Qy    421 CAGGGGCCTTGCTGCGTGAGTCCGAGGGCTGCGGCGGCAACTAGGGGCGCGGCGGGGGTG 480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  46728 CAGGGGCCTTGCTGCGTGAGTCCGAGGGCTGCGGCGGCAACTAGGGGCGCGGCGGGGGTG 46669

Qy    481 GAAAAATCGAAACTAGCTTTCTTTGCGCTTGGGAGTTTGCTCAACTTTGGAGGACCTGC 540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||
Db  46668 GAAAAATCGAAACTAGCTTTCTTTGCGCTTGGGAGTTTGCTAACTTTGGAGGACCTGC 46609

Qy    541 TCAACCCTATCCGCCAAGCCCCTCTCCTACTTTCTGCGTCCAGACCCCGTGAGGGAGTGC 600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  46608 TCAACCCTATCCGCCAAGCCCCTCTCCTACTTTCTGCGTCCAGACCCCGTGAGGGAGTGC 46549

Qy    601 CTACCACTGCAACTGCAGATAGGGGTCCCTGCCCCCAGACCTGCCCCCTCCCCGGCTGT 660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  46548 CTACCACTGCAACTGCAGATAGGGGTCCCTGCCCCCAGACCTGCCCCCTCCCCGGCTGT 46489

Qy    661 CCCGGCTCTGCGGAGTGACTTTGGAACCGCCCACTCCCTTCCCCAACTAGAATGCTTT 720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  46488 CCCGGCTCTGCGGAGTGACTTTGGAACCGCCCACTCCCTTCCCCAACTAGAATGCTTT 46429

Qy    721 TAAATAAATCTCGTAGTTCCTCACTTGAGCTGAGCTAAGCCTGGGGTCCTGAACCTGG 780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  46428 TAAATAAATCTCGTAGTTCCTCACTTGAGCTGAGCTAAGCCTGGGGTCCTGAACCTGG 46369

Qy    781 AACTCGGGTTTATTTCCAATGTCAGCTGTGCAGTTTTTCCCAGTCATCTCCAAACAGG 840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  46368 AACTCGGGTTTATTTCCAATGTCAGCTGTGCAGTTTTTCCCAGTCATCTCCAAACAGG 46309

Qy    841 AAGTTCTTCCCTGAGTGCTTGCCGAGAAGGCTGAGCAAACCACAGCAGGATCCGCACGG 900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  46308 AAGTTCTTCCCTGAGTGCTTGCCGAGAAGGCTGAGCAAACCACAGCAGGATCCGCACGG 46249

Qy    901 GGTTCCACCTCAGAACGAATGCGTTGGGCGGTTGGGGCGGCGAAAAGAGTGGCGTTGGGA 960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  46248 GGTTCCACCTCAGAACGAATGCGTTGGGCGGTTGGGGCGGCGAAAAGAGTGGCGTTGGGA 46189

Qy    961 TCTGAATTCTTCACCATTCCACCCACTTTTGGTCAGACCTGGGGTGGGAGGTCTCTAGGGT 1020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  46188 TCTGAATTCTTCACCATTCCACCCACTTTTGGTCAGACCTGGGGTGGGAGGTCTCTAGGGT 46129

Qy   1021 GGGAGGCTCCTGAGAGAGGCCTACCTCGGGCCTTCCCACTCTTGGCAATTGTTCTTTT 1080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  46128 GGGAGGCTCCTGAGAGAGGCCTACCTCGGGCCTTCCCACTCTTGGCAATTGTTCTTTT 46069

Qy   1081 GCCTGGAAATTAAGTAGTATATGTAGTTTTGAACGTTGAACTGAACAATTCTCTTTTCGG 1140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  46068 GCCTGGAAATTAAGTAGTATATGTAGTTTTGAACGTTGAACTGAACAATTCTCTTTTCGG 46009

Qy   1141 CTAGGCTTTATTGATTTGCAATGTCGTGTAATTAAGAGGCCTCTACAAAGTACTGA 1200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  46008 CTAGGCTTTATTGATTTGCAATGTCGTGTAATTAAGAGGCCTCTACAAAGTACTGA 45949

Qy   1201 TAATGAACATGTAAGCAATGCACTCACTTCTAAGTACTTCATATCTGATCTTATTTGA 1260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  45948 TAATGAACATGTAAGCAATGCACTCACTTCTAAGTACTTCATATCTGATCTTATTTGA 45889

Qy   1261 TTTTCACTAGGCATAGGGAGGTAGGAGCTAATAATACGTTTATTTACTAGAAGTTAACT 1320
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||
Db  45888 TTTTCACTAGGCATAGGGAGGTAGGAGCTAATAATACGTTTATTTTACTAGAAGTTAACT 45829

Qy   1321 GGAATTCAGATTATATAAACTCTTTTCAGTTACAAAGAACATAAATAATCTGGTTTTCTG 1380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  45828 GGAATTCAGATTATATAAACTCTTTTCAGTTACAAAGAACATAAATAATCTGGTTTTCTG 45769

Qy   1381 ATGTTATTTCAAGTACTACAGCTGCTTCTAATCTTAGTTGACAGTGATTTGCCCTGTAG 1440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  45768 ATGTTATTTCAAGTACTACAGCTGCTTCTAATCTTAGTTGACAGTGATTTGCCCTGTAG 45709

Qy   1441 TGTAGCACAGTGTTCTGTGGGTCACACGCGGCCGGCCTCAGCACAGCACTTTGGTA 1500
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  45708 TGTAGCACAGTGTTCTGTGGGTCACACGCGGCCGGCCTCAGCACAGCACTTTGGTA 45649
```

```
Qy   1501  CTACGTGTATCCACATTTACACATGACAAGAATGAGGCATGGCACGGCCTGCTTCCTCG  1560
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  45648  CTACGTGTATCCACATTTACACATGACAAGAATGAGGCATGGCACGGCCTGCTTCCTCG  45589

Qy   1561  CAAATTTATTCAATGGTACACTGGGCTTTGGTGGCAGAGCTCATGTCTCCACTTCATAGC  1620
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  45588  CAAATTTATTCAATGGTACACTGGGCTTTGGTGGCAGAGCTCATGTCTCCACTTCATAGC  45529

Qy   1621  TATGATTCTTAAACATCACACTCGCATTAGAGGTTGAATAATAAAATTCATGTGTTGAGCAG  1680
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  45528  TATGATTCTTAAACATCACACTCGCATTAGAGGTTGAATAATAAAATTCATGTGTTGAGCAG  45469

Qy   1681  AAATATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGTCCCAGCCATGTGTTGCACTGTTCAAGCCC  1740
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  45468  AAATATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGTCCCAGCCATGTGTTGCACTGTTCAAGCCC  45409

Qy   1741  CAAGGGAGAGCAGGGAAACAAGTCTTTACCCTTTGATATATTTGCATTCTAGTGGGAGA  1800
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  45408  CAAGGGAGAGCAGGGAAACAAGTCTTTACCCTTTGATATATTTGCATTCTAGTGGGAGA  45349

Qy   1801  GATGACAATAAGCAAATGAGCCAGAGAATATACAACATCAGGAAATCATCGGTGTTGTGA  1860
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  45348  GATGACAATAAGCAAATGAGCCAGAGAATATACAACATCAGGAAATCATCGGTGTTGTGA  45289

Qy   1861  GAAGCAGAGAAGTCAGGGCAAGTCACTCTGGGGCTGACACTTGAGCAGAGACATGAAGGA  1920
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  45288  GAAGCAGAGAAGTCAGGGCAAGTCACTCTGGGGCTGACACTTGAGCAGAGACATGAAGGA  45229

Qy   1921  AATAAGAATGATATTGACTGGGAGCAGTATTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCCTGGCAAG  1980
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  45228  AATAAGAATGATATTGACTGGGAGCAGTATTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCCTGGCAAG  45169

Qy   1981  TTGGATTAAAAGCGGGTTTTCTCAGCCACTACTCATGTGTGTCGTGTGTGTGTGGGGGGGG  2040
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  45168  TTGGATTAAAAGCGGGTTTTCTCAGCCACTACTCATGTGTGTCGTGTGTGTGTGGGGGGGG  45109

Qy   2041  CGGCGTCGGGGGTGGGAAGGGGACTACCATGTCGATGTAGGAGTGTCTAGCAGTATCCTGT  2100
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  45108  CGGCGTCGGGGGTGGGAAGGGGACTACCATGTCGATGTAGGAGTGTCTAGCAGTATCCTGT  45049

Qy   2101  CCTCCCTACTCACTAGGTGCTAGGAGCACTCCCCCAGTCTTGACAACCAAAAATGTCTCT  2160
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  45048  CCTCCCTACTCACTAGGTGCTAGGAGCACTCCCCCAGTCTTGACAACCAAAAATGTCTCT  44989

Qy   2161  AAACTTTGCCACAGTCACCTAGTAGACAAAACTCCTGGTTAAGAAGCTCGGGTTGAAAA  2220
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  44988  AAACTTTGCCACAGTCACCTAGTAGACAAAACTCCTGGTTAAGAAGCTCGGGTTGAAAA  44929

Qy   2221  AATAAAACAGTAGTAGCGTGCTGGGGAGTAGAGGCCAAGAAGTAGGTAATGGGCTCAGAGAGGA  2280
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  44928  AATAAAACAGTAGTAGCGTGCTGGGGAGTAGAGGCCAAGAAGTAGGTAATGGGCTCAGAGAGGA  44869

Qy   2281  GCCACAAACAAGTTGTGCAGGGCCGCTGTAGGCTGGTGTGAATTCTAGCCAAGGAGTA  2340
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  44868  GCCACAAACAAGTTGTGCAGGGCCGCTGTAGGCTGGTGTGAATTCTAGCCAAGGAGTA  44809

Qy   2341  ACAGTGATCTGTCACAGGCTTTTAAAAGATTGCTCTGGCGTGCTATGTGGAAAGCAGAAATG  2400
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  44808  ACAGTGATCTGTCACAGGCTTTTAAAAGATTGCTCTGGCGTGCTATGTGGAAAGCAGAAATG  44749

Qy   2401  AAGGGAGCAACAGTAAAAGCAGGGAGGAACAGGAGTTGTTACACAGCTTCCAGGCAAG  2460
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  44748  AAGGGAGCAACAGTAAAAGCAGGGAGGAACAGGAGTTGTTACACAGCTTCCAGGCAAG  44689

Qy   2461  AGGTAGTGGAGTGGGCTGGTGGGTGGGAACAGAAAAGGGAGTGACAAACCATTGTCTCCTGAA  2520
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  44688  AGGTAGTGGAGTGGGCTGGTGGGTGGGAACAGAAAAGGGAGTGACAAACCATTGTCTCCTGAA  44629

Qy   2521  TATATTCTGAAGGAAGTTGCTCAAGGATTCTATGTTGTGTGAGAGAAAGAGAAGAATTGG  2580
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  44628  TATATTCTGAAGGAAGTTGCTCAAGGATTCTATGTTGTGTGAGAGAAAGAGAAGAATTGG  44569
```

```
Qy   2581  CTCGGTGTAGTAGCTCATGCCAAGGAGGAGGCCAAGGAGGAGAGCAGATTCCTGAGCTCAGGA  2640
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  44568  CTCGGTGTAGTAGCTCATGCCAAGGAGGAGGCCAAGGAGGAGAGCAGATTCCTGAGCTCAGGA  44509

Qy   2641  GTTCAAGACCAGCCTGGCAACACAGCAAAACCCTTCTCAGAAAAATACAAAAAATTA  2700
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  44508  GTTCAAGACCAGCCTGGCAACACAGCAAAACCCCTTCTCAGAAAAATACAAAAAATTA  44449

Qy   2701  GCTGGGTGTGGTGGCATGCACCTGTACTCGGAGGCTACTCGGGAGGCTGAGGTGGAGGGTA  2760
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  44448  GCTGGGTGTGGTGGCATGCACCTGTACTCCAGCTACTCGGGAGGCTGAGGTGGAGGGTA  44389

Qy   2761  TTGCTTGAGCCCAGGAAGTTGAGGCTGCAGTGAGCCATGACTGTGCCACTGCCACTGCCACTTCAGC  2820
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  44388  TTGCTTGAGCCCAGGAAGTTGAGGCTGCAGTGAGCCATGACTGTGCCACTGCCACTTCAGC  44329

Qy   2821  CTAGGTGACAGAGCAAGACCCTGTCTCCCCGTGCTCCCCCTGACCCCCTGAAAAGAGAAGAGTTAAAGT  2880
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  44328  CTAGGTGACAGAGCAAGACCCTGTCTCCCCGTGCTCCCCCTGACCCCCTGAAAAGAGAAGAGTTAAAGT  44269

Qy   2881  TGACTTGTTCTTTATTTAATTTATTGGCTGAGCAGTGGGGTAATTGCAATGCCAT  2940
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  44268  TGACTTGTTCTTTATTTAATTTATTGGCTGAGCAGTGGGGTAATTGCAATGCCAT  44209

Qy   2941  TTCTGAGATGGTGAAGGCAGAGGAAAGAGCAGTTGGGGTAAATCAAGGATCTGCATTTG  3000
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||-
Db  44208  TTCTGAGATGGTGAAGGCAGAGGAAAGAGCAGTTGGGGTAAATCAAGGATCTGCATTT-  44148

Qy   3001  GGACATGTTAAGTTGAGATTCCAGTCAGGCTTCCAAGTGGTGAGGCCACATAGGCAGTT  3060
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  44149  GGACATGTTAAGTTGAGATTCCAGTCAGGCTTCCAAGTGGTGAGGCCACATAGGCAGTT  44090

Qy   3061  CAGTGTAAGAAATTCAGGACCAAGGCTGGCACGGTGGCTCACTTCTGTAATCCCAGCACT  3120
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  44089  CAGTGTAAGAAATTCAGGACCAAGGCTGGCACGGTGGCTCACTTCTGTAATCCCAGCACT  44030

Qy   3121  TTGGTGGCTGAGGCAGCAGTAGATCATTTGAGGTCAGGAGTTTGAGACCAGCCTGGCAAGCAAGCTTGGCCAACA  3180
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  44029  TTGGTGGCTGAGGCAGCAGTAGATCATTTGAGGTCAGGAGTTTGAGACCAGCCTGGCAAGCAAGCTTGGCCAACA  43970

Qy   3181  TGGTGAAACCCCATGTCTACTACTAAAAATACAAAAATTAGCCGGGCACCACGGCGCCT  3240
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  43969  TGGTGAAACCCCATGTCTACTACTAAAAATACAAAAATTAGCCGGGCACCACGGCGCCT  43910

Qy   3241  ATAGTCCCAGCGTTTTCAGGAGGCTGAGGCAGGAGAATCCCTTGGCTGATAGAGTGAGACTCGT  3300
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  43909  ATAGTCCCAGCGTTTTCAGGAGGCTGAGGCAGGAGAATCCCTTGGCTGATAGAGTGAGACTCGT  43850

Qy   3301  TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGCTGATAGAGTGAGACTCTGT  3360
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  43849  TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGCTGATAGAGTGAGACTCTGT  43790

Qy   3361  CTCAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATTTGGG  3420
           |||||||||||||||         |||||||||||||||||||||||||
Db  43789  CTCAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATTTGGG  43730

Qy   3421  TCTAATTTGCCCTGAGCCCTGAGTTCAACTACCATGGCTAGACACACCTTAAC  3480
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  43729  TCTAATTTGCCCTGAGCCCTGAGTTCAACTACCATGGCTAGACACACCTTAAC  43670

Qy   3481  ATTTTCTCAGAATCCACCAGCTTTAGTGGAGTCGTCTCAATCATGAGTAGGAT  3540
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  43669  ATTTTCTCAGAATCCACCAGCTTTAGTGGAGTCGTCTCAATCATGAGTAGGAT  43610

Qy   3541  CTGGGGCAGTGAGGGGTGGCAGCCACGTGTGCAGAGAAAGCACACAGGAAAGAGC  3600
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  43609  CTGGGGCAGTGAGGGGTGGCAGCCACGTGTGCAGAGAAAGCACACAGGAAAGAGC  43550

Qy   3601  ACCCAGGACTGTCATATGCAAGAAAGACAGGACTGCAACTCACCCTTCACAAAATGAGGA  3660
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  43549  ACCCAGGACTGTCATATGCAAGAAAGACAGGACTGCAACTCACCCTTCACAAAATGAGGA  43490

Qy   3661  CCAGACACAGCTGCATGGTATGGTATGAGTTGATCAGGTGTGTGGAGCCTCAACATCCTGCTGCTCCC  3720
```

```
Db 42409 GTGTCTATGCCCTGCTTTTTATTTAACCAATAATCTTTGTATATTTATACCTGTTAA 42350
                    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  4801 AAATTCAGAAATGTCAAGGCGGTGGGCTCACCCTGTAATCCCAGCACTTTGGG  4860
                    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 42349 AAATTCAGAAATGTCAAGGCGGTGGGCTGGCTCACCCCTGTAATCCCAGCACTTTGGG 42290

Qy  4861 AGGCCGAGGCGGGTGGTCACAAGGTCAGGAGTTGAGACCAGCCTGACCAACATGGTGAA  4920
                    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 42289 AGGCCGAGGCGGGTGGTCACAAGGTCAGGAGTTGAGACCAGCCTGACCAACATGGTGAA 42230

Qy  4921 ACCCGTCTCTAAAAAATACAAAAATTAGCTGGTCACAGTCATGCGCCACCTGTAGTCCCA  4980
                    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 42229 ACCCGTCTCTAAAAAATACAAAAATTAGCTGGTCACAGTCATGCGCCACCTGTAGTCCCA 42170

Qy  4981 GCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGAGCATCGCTTGAACCTGGGAGGCGGAAGTTGCACTGA  5040
                    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 42169 GCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGAGCATCGCTTGAACCTGGGAGGCGGAAGTTGCACTGA 42110

Qy  5041 GCCAAGATGCGCCACTGCACTCCAGCCTGGGCAGCAGAGTGAGACTCCATCTTAAAAAA  5100
                    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 42109 GCCAAGATGCGCCACTGCACTCCAGCCTGGGCAGCAGAGTGAGACTCCATCTTAAAAAA 42050

Qy  5101 AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAGAATTCAGAGATCTTCAGCTATCATGATGAATACCAGGACAAA  5160
                    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 42049 AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAGAATTCAGAGATCTTCAGCTATCATGATGAATACCAGGACAAA 41990

Qy  5161 ATATCAAGTGAGGCCACTTATCAGAGTAGAAGAATCCTTTAGGTTAAAAGTTTCTTTCAT  5220
                    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 41989 ATATCAAGTGAGGCCACTTATCAGAGTAGAAGAATCCTTTAGGTTAAAAGTTTCTTTCAT 41930

Qy  5221 AGAACATAGCAATATCACTGAAGCTACCTATCTTCAAGTCCGCTTCTTATAACAATGC  5280
                    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 41929 AGAACATAGCAATAATCACTGAAGCTACCTATCTTCAATCATTTCAATGCACATAA 41870

Qy  5281 CTCCTAGGTTGACCCAGGTGAAACTGAACCATCTGTATTCAATCATTTTACATGTG  5340
                    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 41869 CTCCTAGGTTGACCCAGGTGAAACTGAACCATCTGTATTCAATCATTTTACATGTG 41810

Qy  5341 AGGAGAACAAGCTGATCTGACTGCTCTCCAAGTGACACTGTTGTAGAGTCCAATCTTAGG  5400
                    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 41809 AGGAGAACAAGCTGATCTGACTGCTCTCCAAGTGACACTGTTGTAGAGTCCAATCTTAGG 41750

Qy  5401 AGGAGAACAAGCTGATCTGACTGCTCTCCAAGTGACACTGTTGTAGAGTCCAATCTTAGG  5460
                    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 41749 AGGAGAACAAGCTGATCTGACTGCTCTCCAAGTGACACTGTTGTAGAGTCCAATCTTAGG 41690

Qy  5461 ACACAAAATGTGTCTCTCCTGTAGCTTGTTTTTTTCTGAAAAGGTATTTCCTTCCTCC  5520
                    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 41689 ACACAAAATGGTGTCTCTCCTGTAGCTTGTTTTTTTCTGAAAAGGTATTTCCTTCCTCC 41630

Qy  5521 AACCTATAGAAGGAAGTGAAAGTTCCAGTCTTCCTGGCAAGGGTAAACAGATCCCCTC  5580
                    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 41629 AACCTATAGAAGGAAGTGAAAGTTCCAGTCTTCCTGGCAAGGGTAAACAGATCCCCCTC 41570

Qy  5581 CTCATCCTTCCTCCTTCCTCACGGTGTCGGGCCTTGAACTTCACCCCAGAACATCACCATG  5640
                    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 41569 CTCATCCTTCCTCCTTCCTCACGGTGTCGGGCCTTGAACTTCACCCCAGAACATCACCATG 41510

Qy  5641 TCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTGAGGCTGTGCTTC  5700
                    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 41509 TCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTGAGGCTGTGCTTC 41450

Qy  5701 AAGTGGCTGAAGGATAAGCAGCCAATGGATCCCAAGGAGTTCGAACCTAAAGACGTATTG  5760
                    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 41449 AAGTGGCTGAAGGATAAGCAGCCAATGGATCCCAAGGAGTTCGAACCTAAAGACGTATTG 41390

Qy  5761 CCCAATGGGATGGGACCTACCAGGGCTGGATAACCTTGGCTGTACCCCCTGGGGAAGAG  5820
                    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 41389 CCCAATGGGATGGGACCTACCAGGGCTGGATAACCTTGGCTGTACCCCCTGGGGAAGAG 41330

Qy  5821 CAGAGATATACGTACCAGGTGGAGCACCCAGGGCCTGGATCAGCCCCTCATTGTGATCTGG  5880
                    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 41329 CAGAGATATACGTACCAGGTGGAGCACCCAGGGCCTGGATCAGCCCCTCATTGTGATCTGG 41270
```

```
Db 43489 CCAGACACAGCTGATGGTATGCAGTGTGCTCCGTGTGGAGCCTCAACATCCTGCTCCC 43430
                    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  3721 CTCCTACTACACATGGTTAAGGCCTGTTGCTCTGTCTCCAGGTTCACACTCTCTGCACTA  3780
                    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 43429 CTCCTACTACACATGGTTAAGGCCTGTTGCTCTGTCTCCAGGTTCACACTCTCTGCACTA 43370

Qy  3781 CCTCTTCATGGGTGCCTCAGAGCAGGAGACCTTGGTCTTCTTCGTTCCTTGTTGAAGCTTTGGGCTA  3840
                    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 43369 CCTCTTCATGGGTGCCTCAGAGCAGGAGACCTTGGTCTTCTTCGTTCCTTGTTGAAGCTTTGGGCTA 43310

Qy  3841 CGTGATGACCAGCTGTTCGTGTTCTATGATCATGAGTCGCCGTGTGGAGCCCCGAAC  3900
                    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 43309 CGTGATGACCAGCTGTTCGTGTTCTATGATCATGAGTCGCCGTGTGGAGCCCCGAAC 43250

Qy  3901 TCCATGGGTTCCAGTAGAATTTCAAGCGAGATGTGGCTGCAGTCAGAGTCTGAA  3960
                    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 43249 TCCATGGGTTCCAGTAGAATTTCAAGCGAGATGTGGCTGCAGTCAGAGTCTGAA 43190

Qy  3961 AGGGTGGGATCACATGTTCACTGTGACTTCTGGACTATTATGGAAAATCACAACCACAG  4020
                    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 43189 AGGGTGGGATCACATGTTCACTGTGACTTCTGACTATTATGGAAAATCACAACCACAG 43130

Qy  4021 CAAGGGTATGTGGAGAGGGGGCCTCACCTTCCTGGAGTCTTGTGGGAGCAGGAAGAGGGAAG  4080
                    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 43129 CAAGGGTATGTGGAGAGGGGGCCTCACCTTCCTGGAGTCTGTGGGAGCAGGAAGAGGGAAG 43070

Qy  4081 ATGCATCTTGAAGGAAACAGCTGGAAGCTGGAAGTCTGAGGTCTTGTCAGAGGACCTATTCCTT  4140
                    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 43069 ATGCATCTTGAAGGAAACAGCTGGAAGCTGGAAGTCTGAGGTCTGTGGGAGCAGGAGGGAAG 43010

Qy  4141 GAATTTGCTTCCTGAGATCATTTGGTCGGGGATTTTTCCAGATTTTTCCAGAGGTGGAAATAGGGACCTATTCCTT  4200
                    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 43009 GAATTTGCTTCCTGAGATCATTTGGTCGGGGATTTTTCCAGATTTTTCCAGAGGTGGAAATAGGGACCTATTCCTT 42950

Qy  4201 TGGTTGCAGTTAACAGGCTGGGAGTTAACAGGCTGGGAGTCCCACACCCTGCAGGTCATCCTG  4260
                    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 42949 TGGTTGCAGTTAACAGGCTGGGAGTTAACAGGCTGGGAGTCCCACACCCTGCAGGTCATCCTG 42890

Qy  4261 GGCTGTGTGAAATGCAAGAAGACAACAGTACCCGAGGGCTACTGGAAGTACGGGTATGATGGG  4320
                    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 42889 GGCTGTGTGAAATGCAAGAAGACAACAGTACCCGAGGGCTACTGGAAGTACGGGTATGATGGG 42830

Qy  4321 CAGGACCACCTTGAATTCTGAACTCTGACACACAGCCTGACACTGGAGTGGAGCAGCAGAACCCAGGGCC  4380
                    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 42829 CAGGACCACCTTGAATTCTGAACTCTGACACACAGCCTGACACTGGAGTGGAGCAGCAGAACCCAGGGCC 42770

Qy  4381 TGGCCCCAAGCTGAGTGGGAAAGGCACAAGATTCGGGCACCAGGCAGCAGAACAGGGCCTAC  4440
                    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 42769 TGGCCCCAAGCTGAGTGGGAAAGGCACAAGATTCGGGCACCAGGCAGCAGAACAGGGCCTAC 42710

Qy  4441 CTGGAGAGGGACTGCCTGGGAAACAACACACTTCTGCCCCCTATACTCTAGTTGCTCAGAGTGTTTTG  4500
                    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 42709 CTGGAGAGGGACTGCCTGGGAAACAACACAGTTCTGCCCCCTATACTCTAGTTGCTCAGAGTGTTTTG 42650

Qy  4501 GACCAACAAGTTGGAAACAGACACTTCTGCCCCCTATACTCTAGTTGCTCAGAGTGTTTTG  4560
                    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 42649 GACCAACAAGTGTATGGTGGAAACACACACTTCTGCCCCCTATACTCTAGTTGCTCAGAGTGTTTTG 42590

Qy  4561 AGGTTGCAGGGGCACGGAAATCCCTGGTTGGAGTTGGAGGCTGTGAGGCTGTGCCTC  4620
                    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 42589 AGGTTGCAGGGGCACGGAAATCCCTGGTTGGAGTTGGAGGCTGTGAGGCTGTGCCTC 42530

Qy  4621 TCCAAATTCTGGGAAGGGACTTTCTCAATCCTAGTCTCTTTATAATTGAGATGTA  4680
                    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 42529 TCCAAATTCTGGGAAGGGACTTTCTCAATCCTAGTCTCTTTATAATTGAGATGTA 42470

Qy  4681 TGAGACAGCCACAGTCATGGGTTTAATTCTTTCTTCCATGCATGCATGGCTCAAAGGGAA  4740
                    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 42469 TGAGACAGCCACAGTCATGGGTTTAATTCTTTCTTCCATGCATGCATGGCTCAAAGGGAA 42410

Qy  4741 GTGTCTATGCCCTGCTTTTTATTTAACCAATAATCTTTGTATATTTATACCTGTTAA  4800
                    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Qy    5881  GGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGCTGAGAAATCTATTGGGGTTGAGGAGTGCC  5940
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   41269  GGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGCTGAGAAATCTATTGGGGTTGAGGAGTGCC  41210

Qy    5941  TGAGGAGTAATTATGGCAGTGAGATCTGCTCGTTCTTTGTTTGTTAGGGGTTGGGCTGAGG  6000
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   41209  TGAGGAGTAATTATGGCAGTGAGATCTGCTCGTTCTTTGTTTGTTAGGGGTTGGGCTGAGG  41150

Qy    6001  GTGGCAATCAAAGGCTTAACTGCTTTTTCTGTTTTGTTTTTCTGTTTTAGAGCCCTCACCGTCTGCCACCC  6060
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   41149  GTGGCAATCAAAGGCTTAACTGCTTTTTCTGTTTTGTTTTTCTGTTTTAGAGCCCTCACCGTCTGGCACCC  41090

Qy    6061  TAGTCATTGGAGTCATCAGTGGAATTGCTGTGTTTTTCGTCATCTTGTTCATTGGAATTT  6120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   41089  TAGTCATTGGAGTCATCAGTGGAATTGCTGTGTTTTTCGTCATCTTGTTCATTGGAATTT  41030

Qy    6121  TGTTTCATAATATTAAGGAACAGGCTTCAAGTGAGTAGGAACAAGGGGCAAGTCTCT  6180
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   41029  TGTTTCATAATATTAAGGAACAGGCTTCAAGTGAGTAGGAACAAGGGGCAAGTCTCT  40970

Qy    6181  TAGTACCTCTCTCCCCAGGGCACAGTGGGAAGAGGGCACAGTGGGAAGAGGGCAGAGGGGATCTGCATCCATGGG  6240
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   40969  TAGTACCTCTCTCCCCAGGGCACAGTGGGAAGAGGGCAGAGGGGATCTGCATCCATGGG  40910

Qy    6241  AAGCATTTTTCTCATTTATATTCTTTGGGACACCAGCAGCTCCCTGGGAGACACAGAAAAT  6300
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   40909  AAGCATTTTTCTCATTTATATTCTTTGGGACACCAGCAGCTCCCTGGGAGACACAGAAAAT  40850

Qy    6301  AATGGTTCTCCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCAACAAACATCTTCAGAGCACACTACTAT  6360
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   40849  AATGGTTCTCCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCAACAAACATCTTCAGAGCACACTACTAT  40790

Qy    6361  TTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTAGTACAGGGCTTTGAGGTTGAGAAGTCACTGTGGCTAT  6420
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   40789  TTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTAGTACAGGGCTTTGAGGTTGAGAAGTCACTGTGGCTAT  40730

Qy    6421  TCTCAGAACCCAAATCTGTAGGGAATGAAATTGATAGCAAGTAAATGTAGTTAAAGAAG  6480
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   40729  TCTCAGAACCCAAATCTGTAGGGAATGAAATTGATAGCAAGTAAATGTAGTTAAAGAAG  40670

Qy    6481  ACCCCATGAGGTCCTAAAGCAGGCAGGAGCAAATGCTTAGGGTGTCAAAGGAAAGAATG  6540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   40669  ACCCCATGAGGTCCTAAAGCAGGCAGGAGCAAATGCTTAGGGTGTCAAAGGAAAGAATG  40610

Qy    6541  ATCACATTCAGCTGGGGATCAAGATAGCCTTCTGAGGTCGAGAGAAGCTGGATTCCA  6600
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   40609  ATCACATTCAGCTGGGGATCAAGATAGCCTTCTGAGGTCGAGAGAAGCTGGATTCCA  40550

Qy    6601  TTAGGTGAGGTTGAAGATGATGGGAGGAGGTCTACACAGACGGAGCAACCATGCCAAGTAGGA  6660
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   40549  TTAGGTGAGGTTGAAGATGATGGGAGGAGGTCTACACAGACGGAGCAACCATGCCAAGTAGGA  40490

Qy    6661  GAGTATAAGGCATACTGGGAGATTAGAAATAATTACTGTACCTTAACCCTGAGTTTGCGT  6720
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   40489  GAGTATAAGGCATACTGGGAGATTAGAAATAATTACTGTACCTTAACCCTGAGTTTGCGT  40430

Qy    6721  AGGTGTCATACAGATTCACCAATTATGCATTTCTACCCCCTGGACATCTGTGTCTTTTGGGATATTGGGTTATCA  6780
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   40429  AGGTGTCATACAGATTCACCAATTATGCATTTCTACCCCCTGAACATCTGTGGGATATTGGGTTATGA  40370

Qy    6781  GAATCAGAAAGAAGAGCCAGCTCATCAGAGTCTCAAGAAGGTCTCTTTTCGAGGTAGGGAAAAGA  6840
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   40369  GAATCAGAAAGAAGAGCCAGCTCATCAGAGTCTCAAGAAGGTCTCTTTTCGAGGTAGGGAAAAGA  40310

Qy    6841  TCACTGGGGTGTCATTGAAGGATCCTAAGAAGGAGGAGGACCACGATCTCCCTTATATGGTG  6900
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   40309  TCACTGGGGTGTCATTGAAGGATCCTAAGAAAGGAGGAGGACCACGATCTCCCTTATATGGTG  40250

Qy    6901  AATGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGAGGTGAGGAGACCCAGTTAGAAAGCAT  6960
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   40249  AATGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGAGGTGAGGAGACCCAGTTAGAAAGCAT  40190

Qy    6961  TTCCAGATGAGAGATAATGGTTCTTGAAATCCAATGTGCCCAGGTCTAAATTGAGATGG  7020
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   40189  TTCCAGATGAGAGATAATGGTTCTTGAAATCCAATGTGCCCAGGTCTAAATTGAGATGG  40130

Qy    7021  GTGAATGAGGAAAATAGGAGAGAGAAGAGCAAGATGTGCCTAGGTTGTGATGCCT  7080
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   40129  GTGAATGAGGAAAATAGGAGAGAGAAGAGCAAGATGTGCCTAGGTTGTGATGCCT  40070

Qy    7081  CTTTCCTGGGTCTCTTGTCTCCACAGGAGGAGCCCTCACCGTCTCTAGCTGAACG  7140
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   40069  CTTTCCTGGGTCTCTTGTCTCCACAGGAGGAGCCCTCACCGTCTCTAGCTGAACG  40010

Qy    7141  TGAGTGACACGCAGCCTGCAGACTCACTGTGGGAAGGAGACAAAACTAGAGACTTCAAAGA  7200
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   40009  TGAGTGACACGCAGCCTGCAGACTCACTGTGGGAAGGAGACAAAACTAGAGACTTCAAAGA  39950

Qy    7201  GGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCATGTTTCAGGAGGAGAGTTGAACCTAAACATAGAAATT  7260
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   39949  GGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCATGTTTCAGGAGGAGAGTTGAACCTAAACATAGAAATT  39890

Qy    7261  GCCTGACGAACTCCTTGATTTTAGCCTTCTCGTTCATTTCCTGTCATTTCCTGAAAAGATTTCCCCAT  7320
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   39889  GCCTGACGAACTCCTTGATTTTAGCCTTCTCGTTCATTTCCTGAAAAGATTTCCCCAT  39830

Qy    7321  TTAGGTTTCTGAGTTCCTGCATGCCGGTGATCCCCTGAGCTGTGACCTCTCCCCTGGAACTG  7380
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   39829  TTAGGTTTCTGAGTTCCTGCATGCCGGTGATCCCCTGAGCTGTGACCTCTCCCCTGGAACTG  39770

Qy    7381  TCTCTCATGAACCTCAAGTGCATCTAGAGGCTTCCTTCATTCCTCCGTCACCTCAGAG  7440
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   39769  TCTCTCATGAACCTCAAGTGCATCTAGAGGCTTCCTTCATTCCTCCGTCACCTCAGAG  39710

Qy    7441  ACATACACCTATGTCATTTCATTTCTATTTTGGAAGAGGACTCCTTAAATTTGGGGGA  7500
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   39709  ACATACACCTATGTCATTTCATTTCATTTCTATTTTGGAAGAGGACTCCTTAAATTTGGGGGA  39650

Qy    7501  CTTACATGATTCATTTAACATCTGAGAAAAGCTTTGACCCTTGAGACCCGTTCAACTTTCCT  7560
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   39649  CTTACATGATTCATTTAACATCTGAGAAAAGCTTTGACCCCGTTCAACTTTCCT  39590

Qy    7561  AACCTTACCAGATTTTACACATGTATCTATGCATCTCTGGACCCGGTTCAACTTTCCT  7620
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   39589  AACCTTACCAGATTTTTACACATGTATCTATGCATTTCTCTGGACCCGGTTCAACTTTCCT  39530

Qy    7621  TTGAATCCTCTCTGTGTTACCCGTGAGGAGAAGCTGGATTCCTC  7680
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   39529  TTGAATCCTCTCTGTGTTACCCAGTAACTGTGAGGAGAAGCTGGATTCTC  39470

Qy    7681  CATCTGATTGTGATGTGAGTTGCACAGCTGTACACTGGTGGTGTTTTCAGTTGGAAGAG  7740
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   39469  CATCTGATTGTGATGTGAGTTGCACAGCTGTACACTGGTGGTGTTTTCAGTTGGAAGAG  39410

Qy    7741  GCACCTGTCCCAGAAAGCAAATATCTTGAAAGGGTGTGGGGTAGTGATGGGAATGGAAGC  7800
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   39409  GCACCTGTCCCAGAAAGCAAATATCTTGAAAGGGTGTGGGGTAGTGATGGGAATGGAAGC  39350

Qy    7801  AGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGTTCAAAGTTTAATGGTCCTTCATTGGCATGA  7860
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   39349  AGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGTTCAAAGTTTAATGTGCCTTCATTGGCATGA  39290

Qy    7861  AGTGTCATACAGATTCGAAAGTTTAATGGTCCTTCATTTCTACCTGGTGTCTACTCTAGTAT  7920
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   39289  AGTGTCATACAGATTCGAAAGTTTAATGGTGCCTTCATTTCTACCTGGTGTCTACTCTAGTAT  39230

Qy    7921  GAATCAGAATACAGATTCGAAGATTTGCAAATTCACAATAATTTCTACCTGATAATGAAA  7980
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   39229  TCCAGACCTGAAGAATCACAATAATTTCTACCTGATAATGAAA  39170

Qy    7981  ATTATGATAAGGATGAATAAAAGCACTTACTTCGTCTCCGACTCTTCTGAGCACCTACTTA  8040
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   39169  ATTATGATAAGGATGAATAAAAGCACTTACTTCGTCTCCGACTCTTCTGAGCACCTACTTA  39110

Qy    8041  CATGCCATTACTGCATGCACTCCTTACAATAATTCTTACAATAATTCTATGAGATAGGTACTATTATCCCCAT  8100
```

```
Db 38029 CTCGGCTCACTGTAACCTCTGCCTCCCAGGTTCAAGCGATTCTCCTGTCTCAGCCTCCCA 37970
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  9181 AGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCATGCCCGGCTAATTTTGTATTTTTAGTAGA 9240
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 37969 AGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCATGCCCGGCTAATTTTGTATTTTTAGTAGA 37910
Qy  9241 GACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCCTGACCTCGTGATCCGCC 9300
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 37909 GACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCCTGACCTCGTGATCCGCC 37850
Qy  9301 TGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGTGTGAGCCACCGCCCAGCCGTCAAA 9360
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 37849 TGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGTGTGAGCCACCGCCCAGCCGTCAAA 37790
Qy  9361 AGAGTCTTAATATATATATCCAGATGGCATGTGTTACTTTATGTTACTACATGCACTTG 9420
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 37789 AGAGTCTTAATATATATATCCAGATGGCATGTGTTACTTTCTGTTACTACATGCACTTG 37730
Qy  9421 GCTGCATAAATGTGGTACAAGCATTCTGTCTTGAAGGGCAGGTGCTTCAGGATACCATAT 9480
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 37729 GCTGCATAAATGTGTACAAGCATTCTGTCTTGAAGGGCAGGTGCTTCAGGATACCATAT 37670
Qy  9481 ACAGCTCAGAAGTTCTTCTTTAGGCATTAAATTTAGCAAAGATATCTCATCTCTCTT 9540
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 37669 ACAGCTCAGAAGTTCTTCTTTAGGCATTAAATTTAGCAAAGATATCTCATCTCTCTT 37610
Qy  9541 TTAAACCATTTTCTTTCTTTTTTGTGGTTAGAAAAGTTATGTAGAAAAAAGTAAATGTGATTT 9600
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 37609 TTAAACCATTTTCTTTCTTTTTTGTGGTTAGAAAAGTTATGTAGAAAAAAGTAAATGTGATTT 37550
Qy  9601 ACGCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAATGACAATTAAAGCTGTTATTTAATTAGCCAG 9660
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 37549 ACGCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAATGACAATTAAAGCTGTTATTTAATTAGCCAG 37490
Qy  9661 TGAAAAACTATTAACAACTTGTCTATTACCGTGTAGTATTATTGTCATTAAAAATGCA 9720
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 37489 TGAAAAACTATTAACAACTTGTCTATTACCGTGTAGTATTATTGTCATTAAAAATGCA 37430
Qy  9721 TATACTTAATAAATGTATATTTCATTCAACTGTTGTAGCCGAATTAATCGTGTT 9780
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 37429 TATACTTTAATAAATGTATATTTCATTCAACTGTTGTAGCCGAATTACTCGTGTC 37370
Qy  9781 ATCTTGTATATACTTAATCGCTTTGTCATTTGGACATTATTTGCTTCTAATTT 9840
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 37369 ATCTTGTATATACTTAATCGCTTTGTCATTTGGAGACATTATTTGCTTCTAATTT 37310
Qy  9841 CTTTACATTTTGTCTTACGGACATTGTCGTCTAAGTTGTAAGACATTGGTTATTTT 9900
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 37309 CTTTACATTTTGTCTTACGGACATTGTCGTCTAAGTTGTAAGACATTGGTTATTTT 37250
Qy  9901 TCTTCACTCTTAGGGACATTGTCCGTTCTGGAGTCAGACTCTGGTATTTC 9960
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 37249 TCTTCACTCTTAGGGACATTGTCCGTTCTGGAGTCAGACTCTGGTATTTC 37190
Qy  9961 CATTCTGAAAGCATTTGTTTATTGTTTATTCACTGGAATATCTTAATATCCATT 10020
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 37189 CATTCTGAAAGCATTTGTTTATTGTTTATTCACTGGAATATCTTAATATCCATT 37130
Qy 10021 CTGCTATAAGGCTTCACTTACTCTCTTCATAAGGAATATGTTACAATTAATTTATT 10080
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 37129 CTGCTATAAGGCTTCACTTACTCTCTTCATAAGGAATATGTTACAATTAATTTATT 37070
Qy 10081 AGGTAAGCATTTGTTTATATTGTTTATTGGTTTTATTTCACCTGGCTGAGATTTCAAGAAACACC 10140
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 37069 AGGTAAGCATTTGTTTATATTGGTTTTATTTCACCTGGGCTGAGATTTCAAGAAACACC 37010
Qy 10141 CCAGTCTTCACAGTAACTAACACATTTACTAACATTTACTAAACATCAGCAACTGTGGCCT 10200
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 37009 CCAGTCTTCACAGTAACTAACACATTTACTAACATTTACTAAACATCAGCAACTGTGGCCT 36950
Qy 10201 GTTAATTTTTTTAATAGAAACTTTAAGTCCTCATTTTTCGGTGTTTTTCGGTGTTTTTAAGCTTAA 10260
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 36949 GTTAATTTTTTTACTAGAACTTTAAGTCCTCATTTTTCGGTGTTTTTCGGTGTTTTTAAGCTTAA 36890
```

```
Db 39109 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
         CATGCATTACTGCATGCACACTTCTTACACATAATAATTCATGAGATAGGTACTATATCCCCAT 39050
Qy  8101 TTCTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGTAGGCCGGCACGGTAGTGCCTGTAATCCC 8160
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 39049 TTCTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGTAGGCCGGCACGGTAGTGCCTGTAATCCC 38990
Qy  8161 AGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGGTGGATCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCCTGGC 8220
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 38989 AGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGGTGGATCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCCTGGC 38930
Qy  8221 TAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGCAG 8280
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 38929 TAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGCAG 38870
Qy  8281 ACGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGGAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCATGAACCCAGGAGG 8340
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 38869 ACGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGGAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCATGAACCCAGGAGG 38810
Qy  8341 CAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTGCGCCACTGACTCCAGCCTGAGGTGACAGAGTGAGA 8400
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 38809 CAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTGCGCCACTGACTCCAGCCTGAGGTGACAGAGTGAGA 38750
Qy  8401 CTCCATCTCAAAAAATAAAAATAAAAATAAAAATGAAAAAAAGAAAGTGAAGTA 8460
         |||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||
Db 38749 CTCCATCTCAAAAAATAAAAATAAAAATAAAAAACTGAAAAAAAAGAAAGTGAAGTA 38690
Qy  8461 TAGAGTATCTCATAGTTTGTCAGTGATAGAAACAGGTTTCAAACTCAGTCAATCTGACCG 8520
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 38689 TAGAGTATCTCATAGTTTGTCAGTGATAGAAACAGGTTTCAAACTCAGTCAATCTGACCG 38630
Qy  8521 TTTGATACATCTCAGACACCACTACATTCAGTAGTTAGATGTCCTAGAATAAATAGAGAA 8580
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 38629 TTTGATACATCTCAGACACCACTACATTCAGTAGTTTAGATGTCCTAGAATAAATAGAGAA 38570
Qy  8581 GGAAGGAGATGGCGCTCTTCTCTTGTTCTTCTCGAGTGAGCTTGAATCACAT 8640
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 38569 GGAAGGAGATGGCGCTCTTCTCTTGTTCTTCTCGAGTGAGCTTGAATCACAT 38510
Qy  8641 GAAGGGGAACAGCAGAAAAACAACCAACTGATCCTCAGCTGTCATGTTCCTTTAAAAGTC 8700
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 38509 GAAGGGGAACAGCAGAAAAACAACCAACTGATCCTCAGCTGTCATGTTCCTTTAAAAGTC 38450
Qy  8701 CCTGAAGGAAGGTCCTGGAATGTGACTCCCTGCCTCGTCTCGTTGGCATTCA 8760
         |||||||||||||||||||||||||||||||| |||
Db 38449 CCTGAAGGAAGGTCCTGGAATGTGACTCCCTGCCTCGTCTCTGTTGGCCTTCA 38390
Qy  8761 TTTCTTTTGGACCCTACGCAAGGACTGTAATTGGTGGGGACAGCTAGTGGCCCTGCTGGGC 8820
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 38389 TTTCTTTTGGACCCTACGCAAGGACTGTAATTGGTGGGGACAGCTAGTGGCCCTGCTGGGC 38330
Qy  8821 TTCACACACGGTGTCCTCCCCTAGGCCAGTGCCTCTGGAGTCAGACTCTGGTGGTATTTC 8880
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 38269 TTCACACACGGTGTCCTCCCCTAGGCCAGTGCCTCTGGAGTCAGACTCTGGTGGTATTTC 38210
Qy  8881 CCTCAATGAGTGGAGTGGAGTAAGCTCTCTCATTTCGGGAAATGCGAAGCCACCAAGTG 8940
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 38209 CCTCAATGAGTGGAGTGGAGTAAGCTCTCTCATTTGGGAAATGGAAGCCACCAAGTG 38150
Qy  8941 GCTTAGGACGATGCCCCAGGTCCTTCCATGGAGCCACTGGGTTCCGGTGCACATTAAAAAA 9000
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 38149 GCTTAGGACGATGCCCCAGGTCCTTCCATGGAGCCACTGGGTTCCGGTGCACATTAAAAAA 38090
Qy  9001 AAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCTAGATCTGGGAAATCAGTTCACCATGTTCA 9060
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 38089 AAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCTAGATCTGGGAAATCAGTTCACCATGTTCA 38030
Qy  9061 AAAGAGTTCTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTGAGACTCTTATTGCCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCATGAT 9120
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 38029 AAAGAGTTCTTTTTTTTTTTTTTTTTTGAGACTCTTATTGCCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCATGAT 38030
Qy  9121 CTCGGCTCACTGTAACCTCTGCCTCCCAGGTTCAAGCGATTCTCCTGTCTCAGCCTCCCA 9180
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Qy   10261 TTTTTCGGCTTTATTCATAAATTCTTAAGGTCAACTACATTTGAAAAATCAAAGACCTG 10320
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   36889 TTTTTCGGCTTTATTCATAAATTCTTAAGGTCAACTACATTTGAAAAATCAAAGACCTG 36830

Qy   10321 CATTTAAATTCTTATTCACCTCTGGCAAAACCATTCACAAAACCATGGTAGTAAAGAGAA 10380
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   36829 CATTTAAATTCTTATTCACCTCTGGCAAAACCATTCACAAAACCATGGTAGTAAAGAGAA 36770

Qy   10381 GGGTGACACCTGGTGCCATAGGTAAATGTACCACGGTGGTCCGGTGACCAGAGATGCAG 10440
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   36769 GGGTGACACCTGGTGCCATAGGTAAATGTACCACGGTGGTCCGGTGACCAGAGATGCAG 36710

Qy   10441 CGCTGAGGGTTTTCCTGAAGGTAAAGGAATAAAGAATGGGTGGAGGGGCGTGCACTGGAA 10500
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   36709 CGCTGAGGGTTTTCCTGAAGGTAAAGGAATAAAGAATGGGTGGAGGGGCGTGCACTGGAA 36650

Qy   10501 ATCACTTGTAGAGAAAAGCCCCTGAAAATTTGAGAAAACAAACAAGAAACTACTTACCAG 10560
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   36649 ATCACTTGTAGAGAAAAGCCCCTGAAAATTTGAGAAAACAAACAAGAAACTACTTACCAG 36590

Qy   10561 CTATTTGAATTGCTGGAATCACAGGCCATTGCTGCTGAGCTGCCTGAACTGGGAACACAACAG 10620
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   36589 CTATTTGAATTGCTGGAATCACAGGCCATTGCTGCTGAGCTGCCTGAACTGGGAACACAACAG 36530

Qy   10621 AAGGAAAAACAAACCACTCACTCTGATAATCATTGAGTCAAGTACAGCAGTTGAGGACTGC 10680
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   36529 AAGGAAAAACAAACCACTCACTCTGATAATCATTGAGTCAAGTACAGCAGTTGAGGACTGC 36470

Qy   10681 TGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTTATCTTGTATTATAATGTCATCTTATAATACTGT 10740
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   36469 TGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTTATCTTGTATTATAATGTCATCTTATAATACTGT 36410

Qy   10741 CAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTCACACACATTTAAAAACAAAACACTGTCTC 10800
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   36409 CAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTCACACACATTTAAAAACAAAACACTGTCTC 36350

Qy   10801 TAAAATCCCCAAATTTTTCATAAAC 10825
           |||||||||||||||||||||
Db   36349 TAAAATCCCCAAATTTTTCATAAAC 36325
```

```
RESULT  9
AAA96769
ID   AAA96769 standard; cDNA; 2506 BP.
XX
AC   AAA96769;
XX
DT   19-FEB-2001 (first entry)
XX
DE   cDNA sequence encoding a histocompatibility iron loading (HFE) protein.
XX
KW   Human; histocompatibility iron loading protein; HFE protein;
KW   major histocompatibility complex; non-classical class I gene;
KW   chromosome 6p; iron disorder; haemochromatosis; ss.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
FH   Key            Location/Qualifiers
FT   CDS            1..1044
FT                  /tag= a
FT                  /product= "histocompatibility iron loading (HFE) protein"
FT   sig_peptide    1..66
FT                  /tag= b
FT   mutation       187
FT                  /tag= c
FT                  /note= "if this base is mutated to G, then the
FT                         protein contains the mutation H63D"
FT   mutation       193
FT                  /tag= d
FT                  /note= "if this base is mutated to T, then the
FT                         protein contains the mutation S65C"
FT   mutation       277
```

```
FT                  /tag= e
FT                  /note= "if this base is mutated to C, then the
FT                         protein contains the mutation G93R"
FT   mutation       314
FT                  /tag= f
FT                  /note= "if this base is mutated to C, then the
FT                         protein contains the mutation I105T, which
FT                         is associated with an iron overload disorder"
XX
PN   WO200058515-A1.
XX
PD   05-OCT-2000.
XX
PF   24-MAR-2000; 2000WO-US07982.
XX
PR   26-MAR-1999;    99US-0277457.
XX
PA   (BILL-) BILLUPS-ROTHENBERG INC.
XX
PI   Rothenberg BE,   Sawada-Hirai R,   Barton JC;
XX
DR   WPI; 2000-647244/62.
DR   P-PSDB; AAB19149.
XX
PT   Diagnosing an iron disorder e.g. hemochromatosis or a genetic
PT   susceptibility to develop it, by determining the presence of a mutation
PT   in exon 2 or an intron of a histocompatibility iron loading nucleic
PT   acid -
XX
PS   Disclosure; Page 2-3; 55pp; English.
XX
CC   The present sequence encodes a human histocompatibility iron loading
CC   (HFE) protein. The HFE gene is a major histocompatibility (MHC)
CC   non-classical class I gene located on chromosome 6p. Mutations in the
CC   gene lead to iron disorders. The specification describes a method for
CC   diagnosing an iron disorder or a genetic susceptibility to develop the
CC   disorder in a mammal. The method comprises determining the presence of
CC   a mutation in exon 2 or an intron of a HFE gene or protein. The mutation
CC   is not a C to G missense mutation at nucleotide 187 of the sequence
CC   given in A96769 (Genbank Accession number U60319). The presence of the
CC   mutation indicates the disorder or the genetic susceptibility to the
CC   disorder. The method is used to diagnose an iron disorder
CC   e.g. haemochromatosis, or a genetic susceptibility to develop it.
XX
SQ   Sequence 2506 BP; 648 A; 552 C; 596 G; 710 T; 0 other;

Query Match             9.7%;  Score 1051.6;  DB 21;  Length 2506;
Best Local Similarity   98.7%;  Pred. No. 4.4e-176;
Matches 1060;  Conservative    0;  Mismatches   14;  Indels    0;  Gaps    0;
```

```
Qy    7104 CAGGAGGAGCCATGGGCACTACGTCTTAGCTGACGTCAGTGAGTGACACGCAGCCTGCAGAC 7163
           || |||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||
Db    1004 caagaggagccatgggcactacgtcttagctgacgtcagtgagtgacacgcagcctgcagac 1063

Qy    7164 TCACTGTGGGAAGGAGACGACAAAACTAGAGACTCAAAGAGGGAGTGCATTTATGAGCTCTTC 7223
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||
Db    1064 tcactgtgggaaggagacgacaaaactagagactcaaagaggagggagtgcatttatgagctcttc 1123

Qy    7224 ATGTTTCAGGAGGAGAGTTGAACCTAAACATAGAAATTGCCTGACGAACTCCTTGATTTTA 7283
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1124 atgtttcaggaggagagttgaacctaaacatagaaattgcctgacgaactccttgatttta 1183

Qy    7284 GCCTTCTCTGTTCATTCCTCAAAAAGATTCCCATTAGGTTCTGAGTTCCTGCATG 7343
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1184 gccttctctgttcattcctcaaaaagattcccattaggttctgagttcctgcatg 1243

Qy    7344 CCGGTGATCCCTAGCTGTGACCTCTCCCTGGAACTGTCTCTCATGAACCTCAAGCTGCA 7403
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1244 ccggtgatccctagctgtgacctctccctggaactgtctctcatgaacctcaagctgca 1303

Qy    7404 TCTAGAGGCTTCCTTCCTTCCGTCACCTCAGACGACATACACCTATGTCATTCATT 7463
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

PR   23-AUG-1996;   96AU-0001849.
XX
PA   (COUN-) COUNCIL QUEENSLAND INST MEDICAL RES.
XX
PI   Busfield F, Cullen LM, Jazwinska EC, Powell LW;
XX
DR   WPI; 1998-179064/16.
XX
PT   Detection of autosomal recessive disorder - particularly hereditary
PT   haemochromatosis, by detecting a mutation in the HC gene
XX
PS   Disclosure; Page -; 32pp; English.
XX
XX
CC   This sequence represents the haemochromatosis (HC) gene. Mutations in
CC   this sequence are detected using the method of the invention. The method
CC   is for identifying an individual with hereditary haemochromatosis (HH) or
CC   a predisposition to develop HH or to genetically pass on HH to an
CC   offspring, comprising isolating a biological sample and amplifying a
CC   region of genomic DNA in the biological sample encompassing all or part
CC   of the DNA between markers D6S265 and D6S276, and detecting at least one
CC   homozygous or heterozygous mutation in a nucleotide within the region.
CC   The method can also be used for identifying an individual with an
CC   autosomal recessive disorder (ARD) or predisposition to develop and/or
CC   genetically pass on an ARD to an offspring, comprises isolating a
CC   biological sample from the individual and screening genomic DNA in the
CC   sample for the presence of a homozygous or heterozygous mutation in a
CC   gene, the normal function of which, is required to prevent progression of
CC   the disorder. The method(s) can be used to identify individuals that are
CC   homozygous or heterozygous (carriers) for the mutation causing the ARD.
CC   Especially the method is used to diagnose HH or predisposition to HH by
CC   detecting a Cys282Tyr substitution. Individuals homozygous for this
CC   mutation have HH and heterozygotes are potential carriers of the
CC   disease.
XX
SQ   Sequence 2727 BP; 702 A; 606 C; 660 G; 759 T; 0 other;

Query Match   9.7%; Score 1051.6; DB 19; Length 2727;
Best Local Similarity 98.7%; Pred. No. 4.5e-176;
Matches 1060; Conservative 0; Mismatches 14; Indels 0; Gaps 0;

Qy   7104 CAGGAGGAGCCATGGGGCACTACGTCTTAGCTGAACGTGAGTGCACGCAGCCTGCGAGAC 7163
          || ||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||
Db   1225 caagaggagccatgggggcactacgtcttagctgaacgtgaacgtgacacgcagcctgcgagac 1284

Qy   7164 TCACTGTGGGAGGAGGAGCAAAACTAGAGACTAGAAGAGGGAGTGCATTATGAGCTCTTC 7223
          ||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1285 tcactgtgggaggaggagacaaaactagagactcaagagaggagggcattatgagctcttc 1344

Qy   7224 ATGTTTCAGGAGAGAGTTGAACCTAAACATAGAAATTGCCTGACGACTCCTTGATTTTA 7283
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1345 atgtttcaggagagagttgaacctaaacatagaaattgcctgacgacctccttgatttta 1404

Qy   7284 GCCTTCTCGTTTCATTTCCTCAAAAGATTTCCCATTTAGGTTTCTGAGTTCCTGCATG 7343
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1405 gccttctcgttcattttcctcaaaaagatttcccatttaggtttctgagttcctgcatg 1464

Qy   7344 CCGGTGATCCCTAGCTGTGACCTCTCCCCTGAACTGTCTCATGAACCTCAAGCTGCA 7403
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1465 ccggtgatccctagctgtgacctctcccctgaactgtctcatgaacctcaagctgca 1524

Qy   7404 TCTAGAGGCTTCCTTCATTCCTCCCGTCACCTCAGAGACATACACCTATGTCATTTCATT 7463
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1525 tctagaggcttcctcattcctcccgtcacctcagagacatacacctatgtcatttcatt 1584

Qy   7464 TCCTATTTTTGGAAGAGGACTCCTTAAATTGGGGACTTACATGATTCATTTTAACATC 7523
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1585 tcctatttttggaagaggactccttaaatttggggacttacatgattcatttaacatc 1644

Qy   7524 TGAGAAAAGCTTTGAACCCTGGCACGTGGCTAGTCATAACCTTACACAGATTTTACACAT 7583
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1645 tgagaaaagctttgaaccctggcacgtggctagtcataaccttacacagattttacacat 1704

Db   1304 tctagaggcttcctcattcctccgtcacctcagagacatacacctatgtcattcatt 1363
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy   7464 TCCTATTTTTGGAAGAGGACTCCTTAAATTGGGGACTTACATGATTCATTTTAACATC 7523
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1364 tcctatttttggaagaggactccttaaatttggggacttacatgattcatttaacatc 1423

Qy   7524 TGAGAAAAGCTTTGAACCCTGGACGTGGCTAGTCATAACCTTACCAGATTTTACACAT 7583
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1424 tgagaaaagctttgaaccctggacgtgggacgtggctagtcataaccttaccagatttttacacat 1483

Qy   7584 GTAACTATGCATTTTCTGGACCCGTTCAACTTTCCTTGAATCCTCTCTGTGTTACC 7643
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1484 gtatctatgcattttctgaccggtcaactttccttgaatcctctctctgtgttacc 1543

Qy   7644 CAGTAACTCATCTGTCACCAAGCCTTGGGGATTCTTCCATCTGATTGTGATGTGAGTTGC 7703
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1544 cagtaactcatctgtcaccaagcctgggggattcttccatctgattgtgatgtgagttgc 1603

Qy   7704 ACAGCTATGAAGGCTGTACACTGCACGAATGAAGAGGCACCTGTCCCAGAAAAAGCATC 7763
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1604 acagctatgaaggctgtacactgcacgaatgaagaggcacctgtcccagaaaaagcatc 1663

Qy   7764 ATGGCTATCTGTGGGTAGTATGATGGTGTGTTTTTAGCAGGTAGGAGGCAAAATCTTGAA 7823
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1664 atggctatctgtgggtagtatgatggtgttttttagcaggtaggaggcaaaatctttgaa 1723

Qy   7824 AGGGGTTGTGAAGAGGTGTTTTTTCTAATTGGCATGAAGGTGTCATACAGATTTGCAAAG 7883
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1724 aggggttgtgaagaggtgtttttttctaattggcatgaaggtgtcatacagatttgcaaag 1783

Qy   7884 TTTAATGGTGCCTTCATTTGGGATGCTACTCCTAGTATTCCAGACCTGAAGAATCACAATA 7943
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1784 tttaatggtgcctttcattttgggatgctactcctagtattccagacctgaagaatcacaata 1843

Qy   7944 ATTTTCTACCTGGTCTCTCCTGTTGTCTGATAATGAAAATTAATGAAAATTATGATAAGGATGATAAAAGC 8003
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1844 atttttctacctggtctctcctgttctgataatgaaaattatgataaggatgataaaaagc 1903

Qy   8004 ACTTACTTCGTGCCGACTCTTCTGAGCACCTACTGCATTACTGCATGCCACTTCT 8063
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1904 acttacttcgtgtccgactctttcgagcacctacttacacatgcatgcacttct 1963

Qy   8064 TACAATAATTCTATGAGATAGGTACTATTATATCCCCATTTCTTTTTTTAAATGAAGAAGTG 8123
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1964 tacaataattctatgagataggtactattatatcccccattttctttttttaaatgaagaaagtg 2023

Qy   8124 AAGTAGGCCGGGCCACGGTGGCTCACGCCTGTAATCCCAGCACTTTGGGAGGCCA 8177
          ||||||| ||||| ||||||| ||||| ||| |
Db   2024 aagtaggccgggcacggtggctcacgcctgtaatcccaggctggagattgca 2077

RESULT 10
AAV23525
ID   AAV23525 standard; mRNA; 2727 BP.
XX
AC   AAV23525;
XX
DT   10-JUL-1998 (first entry)
XX
DE   Haemochromatosis gene.
XX
KW   Hereditary haemochromatosis; HC gene; HH identification; diagnosis;
KW   autosomal recessive disorder; ss.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
XX   WO9807884-A1.
PN
PD   26-FEB-1998.
XX
PF   22-AUG-1997;   97WO-AU00539.
XX
PR   03-SEP-1996;   96AU-0002083.

```
Qy   7584 GTATCATGATGCATTTCTGGACCCGTTCAACTTTTCCTTTGAATCCTCTCTCTGTGTTACC 7643
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1705 gtatcatgatttctggacccgttcaacttttccttTgaatcctctctctgtgttacc 1764

Qy   7644 CAGTAACTCATCTGTCACCAAGCCTGGGGATTCTTCCAATCTGATTGTGATGTGAGTTGC 7703
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1765 cagtaactcatctgtcaccaagcctgggggattcttccaatctgattgtgatgtgagttgc 1824

Qy   7704 ACAGCTATGAAGGCTGTACACTGCACGAATGGAAGAGGCACCTGTCCCAGAAAAAGCATC 7763
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1825 acagctatgaaggctgtacactgcacgaatggaagaggcacctgtcccagaaaaagcatc 1884

Qy   7764 ATGGCTATCTCTGGGTAGTATGATGGTGTGTTTTAGCAGTAGGAGGCAAATATCTTGAA 7823
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1885 atggctatctctgggtagtatgatggtgtgttttTagcagtaggaggcaaatatcttgaa 1944

Qy   7824 AGGGGTTGTGAAGAGAGTGTGTTTTTTCTAAATTGGCATGAAGGTGTCATACAGATTTGCAAAG 7883
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1945 aggggtTgtgaagagagtgtgTttttctTaaattggcatgaaggtgtcatacagattTgcaaag 2004

Qy   7884 TTTAATGGTGCCTTCATTTGGGATGCTACTCTAGTATTCCAGACCTGAAGAATCACAATA 7943
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2005 tttaatggTgccttcatttgggatgctactctagtattccagacctgaagaatcacaata 2064

Qy   7944 ATTTCTACTTCGTCTCCTCCTGTTCTGATAATGAAAATTATGATAAGGATGATAAAAGC 8003
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2065 atttctacttcgtctcctcctgttctgataatgaaaattatgataaggatgataaaagc 2124

Qy   8004 ACTTACTTCGTGTCCGACTCTTCTGAGCACCTACTTACATGCATTACTTGCATCGCACTTCT 8063
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2125 acttacttcgtgtccgactcttctgagcacctacttacatgcatTactgcatcgcacttct 2184

Qy   8064 TACAATAATTCTATGAGATAGAGTACTATTATTCCCCATTTCTTTTTAAATGAAGAAAGTG 8123
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2185 tacaataattctatgagatagagtactattatTcccccatttctttttTaaatgaagaaagtg 2244

Qy   8124 AAGTAGGCCGGGCACGTGGCTCACGCCCTGTAATCCCAGCACTTGGGAGGCCA 8177
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||  |||||   ||
Db   2245 aagtaggccgggcacgtggctcacgccctgtaatcccagcacttgggagggca 2298
```

RESULT 11

```
AC68441
ID    AAC68441 standard; DNA; 517 BP.
XX
AC    AAC68441;
XX
DT    21-FEB-2001  (first entry)
XX
DE    Human hereditary hemochromatosis DNA used for mutation detection.
XX
KW    HH; hereditary hemochromatosis; chelation agent;
KW    T-cell differentiation factor; iron overload; ss.
XX
OS    Homo sapiens.
XX
PN    US6140305-A.
XX
PD    31-OCT-2000.
XX
PF    04-APR-1997;    97US-0834497.
XX
PR    04-APR-1996;    96US-0630912.
PR    16-APR-1996;    96US-0632673.
PR    23-MAY-1996;    96US-0652265.
XX
PA    (BIRA ) BIO-RAD LAB INC.
XX
PI    Thomas WJ, Drayna DT, Gnirke A, Ruddy D, Tsuchihashi Z, Wolff RK;
PI    Feder JN;
XX
DR    WPI; 2001-006341/01.
XX
```

```
PT    New hereditary hemochromatosis gene products or polypeptides, useful
PT    for treating hereditary hemochromatosis in a patient, and as a metal
XX    chelation agent alleviating iron overload -
PS    Disclosure; Fig 6; 108pp; English.
XX
CC    The present invention relates to hereditary hemochromatosis gene
CC    products. These proteins may be used to treat a patient diagnosed as
CC    having human hemochromatosis disease. It is also useful as a metal
CC    chelation agent or as a T-cell differentiation factor, and for
CC    alleviating iron overload. They may also be used in protein replacement
CC    therapy for individuals having a defective human hemochromatosis gene.
XX
SQ    Sequence 517 BP; 127 A; 120 C; 146 G; 124 T; 0 other;
```

```
Query Match             4.8%;    Score 517;  DB 22;  Length 517;
Best Local Similarity  100.0%;    Pred. No. 3.2e-82;
Matches  517;    Conservative   0;  Mismatches   0;  Indels   0;  Gaps   0;
```

```
Qy   5507 TATTTCCTTCCTCCAACCTATAGAACGAAGGAAGTGAAAGTTCCAGTCTTCCTGGCAAGGGTAA 5566
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1 tatttcctTcctccaacctatagaacgaaggaagtgaaagttccagtctTcctggcaaggta 60

Qy   5567 ACAGATCCCCTCCTCTCCATCCTCCTTCTCCTGTCAAGTGCCTCCTCCTTGGTGAAGGTGA 5626
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     61 acagatcccctcctctccatcctcctTctcctgtcaagtgcctcctcctTggtgaaggta 120

Qy   5627 CACATCATGTGACCTCTTCAGTGACCACTCTTACGGTGTCGGGCCTTGAACTACTACCCCC 5686
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    121 cacatcatgtgacctcttcagtgaccactcttacggtgtcgggccttgaactactaccccc 180

Qy   5687 AGAACATCACCATGAAGTGGCTGAAGGATAAGCAGCAGCCAATGATGCCAAGGAGTTCGAAC 5746
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    181 agaacatcaccatgaagtggctgaaggataagcagcagccaatgatgccaaggagttcgaac 240

Qy   5747 CTAAAGACGTATTGCCCAATGGGCAGATATACGTGAGCCTGAGCACCCAGGCCTGGATCAGCCGC 5806
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    241 ctaaagacgtattgcccaatgggcagatatacgtgagcctgagcaccccaggcctggatcagccgc 300

Qy   5807 CCCCTGGGCAAGACGCAGCAGAGATATACGTACCAGGTGGACGCACCCAGGGTGAGATCAGCCCC 5866
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    301 cccctggggcaagacgcagcagagatatacgtaccaggtggacgcacccaggcctggatcagcccc 360

Qy   5867 TCATTGTGATCTCGGGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGCTGGAAAATCTATTGGGG 5926
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    361 tcattgtgatctcgggtatgtgactgatgagagccaggagctggaaaatctattggggg 420

Qy   5927 TTGAGAGGAGTGCCTGAGGAGGTAATTATGGCAGTGAGATGAGGATCTGCTCTTTGTTAG 5986
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    421 ttgagaggagtgcctgaggaggtaattatggcagtgagatgaggatctgctctttgttag 480

Qy   5987 GGGGTGGGCTGAGGTGGCAATCAAAGGCTTTAACTT 6023
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    481 ggggtgggctgaggtggcaatcaaaggcttttaactt 517
```

RESULT 12

```
AAC68440
ID    AAC68440 standard; DNA; 517 BP.
XX
AC    AAC68440;
XX
DT    21-FEB-2001  (first entry)
XX
DE    Human hereditary hemochromatosis DNA used for mutation detection.
XX
KW    HH; hereditary hemochromatosis; chelation agent;
KW    T-cell differentiation factor; iron overload; ss.
XX
OS    Homo sapiens.
XX
PN    US6140305-A.
XX
```

XX
PD   31-OCT-2000.
XX
PF   04-APR-1997;   97US-0834497.
XX
PR   04-APR-1996;   96US-0630912.
PR   16-APR-1996;   96US-0632673.
PR   23-MAY-1996;   96US-0652265.
XX
PA   (BIRA) BIO-RAD LAB INC.
XX
PI   Thomas WJ, Drayna DT, Gnirke A, Ruddy D, Tsuchihashi Z, Wolff RK;
PI   Feder JN;
XX
DR   WPI; 2001-006341/01.
XX
PT   New hereditary hemochromatosis gene products or polypeptides, useful
PT   for treating hereditary hemochromatosis in a patient, and as a metal
PT   chelation agent alleviating iron overload -
XX
PS   Disclosure; Fig 6; 108pp; English.
XX
CC   The present invention relates to hereditary hemochromatosis gene
CC   products. These proteins may be used to treat a patient diagnosed as
CC   having human hemochromatosis disease. It is also useful as a metal
CC   chelation agent or as a T-cell differentiation factor, and for
CC   alleviating iron overload. They may also be used in protein replacement
CC   therapy for individuals having a defective human hemochromatosis gene.
XX
SQ   Sequence 517 BP; 126 A; 120 C; 147 G; 124 T; 0 other;

Query Match   4.8%;   Score 515.4; DB 22; Length 517;
Best Local Similarity   99.8%;
Matches   516; Conservative   0; Mismatches   0; Indels   1; Gaps   0;

Qy   5507 TATTTCCTTCCTCCAACCTATAGAAGGAGCTGAAAGTTCCAGTCTTCCTGGCAAGGGTAA 5566
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1 tatttccttcctccaacctatagaaggagctgaaagttccagtcttcctggcaaggggtaa 60

Qy   5567 ACAGATCCCCTCCTCCTCCATCCTTCCTCTTTCCTCCTGTCAAGTGCCTCCTTTGTGAAGTGA 5626
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   61 acagatcccctcctcctccatccttcctctgtcaagtgcctccttgtgaaggtga 120

Qy   5627 CACATCATGTGACCTCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGGGCCTTGAACTACTACCCCC 5686
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   121 cacatcatgtgacctcttcagtgaccactctacggtgtcgggccttgaactactaccccc 180

Qy   5687 AGAACATCACCATGAAGTGGCTGAAGGATAAGCAGCCAATGGATGCCAAGGAGTTCGAAC 5746
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   181 agaacatcaccatgaagtggctgaaggataagcagccaatggatgccaaggagttcgaac 240

Qy   5747 CTAAAGACGTATTGCCCAATGGGATGGGACCTACCAGGGCTGGAATAACCTTGGCTGTAC 5806
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   241 ctaaagacgtattgcccaatgggatgggacctaccagggctggataaccttggctgtac 300

Qy   5807 CCCCTGGGAAGAGCAGAGATATACGTACCAGGTGGAGCACCAGGCCTGGATCAGCCCC 5866
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   301 cccctgggaagagcagagatatacgtgccaggtggagcaccaggcctggatcagcccc 360

Qy   5867 TCATTGTGATCTGGGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGTGAGAAAATCTATTGGGG 5926
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   361 tcattgtgatctgggtatgtgactgatgagagccaggagtgagaaaatctattgggg 420

Qy   5927 TTGAGAGGATGCCTGAGGAGGTAATTATGGCAGTGAGATGAGGATCTGCTCTTTGTTAG 5986
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   421 ttgagaggatgcctgaggaggtaattatggcagtgagatgaggatctgctctttgttag 480

Qy   5987 GGGGTGGCTGGAGGGTGCAATCAAAGGCTTTAACTT 6023
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   481 ggggtggctggagggtgcaatcaaaggctttaactt 517

RESULT 13
AAX16055
ID   AAX16055 standard; DNA; 359 BP.
XX
AC   AAX16055;
XX
DT   19-MAY-1999 (first entry)
XX
DE   Hereditary hemochromatosis gene target nucleic acid sequence.
XX
KW   Hereditary hemochromatosis gene; encapsulate; lipoprotein outer membrane;
KW   membrane stability; test cell; molecular diagnosis; genetic testing; ss.
XX
OS   Unidentified.
XX
PN   WO9906594-A1.
XX
PD   11-FEB-1999.
XX
PF   29-JUL-1998;   98WO-US15641.
XX
PR   23-DEC-1997;   97US-0997522.
PR   31-JUL-1997;   97US-0905124.
XX
PA   (MAIN-) MAINE MEDICAL CENT.
XX
PI   Rundell CA, Vary CPH;
XX
DR   WPI; 1999-153816/13.
XX
PT   Biological preparation of a stably encapsulated reference nucleic
PT   acid - useful for molecular diagnostic and genetic testing
XX
PS   Claim 5; Page 48; 51pp; English.
XX
CC   The present sequence represents a nucleic acid sequence that is used as
CC   a reference sequence to exemplify the method of the invention. The
CC   specification describes a method for the biological preparation of a
CC   stably encapsulated reference nucleic acid for molecular diagnostic and
CC   genetic testing. The method comprises inserting a vector containing a
CC   reference nucleic acid into a cell through its lipoprotein outer membrane
CC   to encapsulate the nucleic acid, multiplying the cell to propagate the
CC   nucleic acid, inducing cell death without affecting the nucleic acid,
CC   and achieving a desired stability of the cell membrane for substantially
CC   matching the nucleic acid with the membrane stability of test cells. The
CC   reference nucleic acids are useful for molecular diagnosis and genetic
CC   testing.
XX
SQ   Sequence 359 BP; 86 A; 91 C; 101 G; 81 T; 0 other;

Query Match   3.3%;   Score 357.4; DB 20; Length 359;
Best Local Similarity   99.7%; Pred. No. 3.3e-54;
Matches   358; Conservative   0; Mismatches   1; Indels   0; Gaps   0;

Qy   5576 CTCTCCTCATCCTTCCTCTTTCCTGTCAAGTGCCTCCTTTGGTGAAGGTGACACATCATG 5635
          | ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1 ctctcctcatccttcctctttcctgtcaagtgcctccttggtgaaggtgacacatcatg 60

Qy   5636 TGACCTCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGGGCCTTGAACTACTACCCCCAGAACATCA 5695
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   61 tgacctcttcagtgaccactctacggtgtcgggccttgaactactaccccccagaacatca 120

Qy   5696 CCATGAAGTGGCTGAAGGATAAGCAGCCAATGGATGCCAAGGAGTTCGAACCTAAAGACG 5755
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   121 ccatgaagtggctgaaggataagcagccaatggatgccaaggagttcgaacctaaagacg 180

Qy   5756 TATTGCCCAATGGGATGGGACCTACCAGGGCTGGATAACCTTGGCTGTACCCCCTGGGG 5815
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   181 tattgcccaatgggatgggacctaccagggctggataaccttggctgtacccccctgggg 240

Qy   5816 AAGAGCAGAGATATACGTACCAGGTGGAGCACCAGGCCTGGATCAGCCCCTCATTGTGA 5875
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

```
Db   241 aggagcagagatacgtgccaggtggagcaccaggcctggatcagcccctcattgtga 300
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  5876 TCTGGGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGCTGAGAAAATCATTGGGGGTTGAGAGG 5934
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   301 tctgggggtatgtgactgatgagagccaggagctgagaaaatctattggggggttgagagg 359
```

```
RESULT 14
AAV27941
ID   AAV27941 standard; cDNA; 14796 BP.
XX
AC   AAV27941;
XX
DT   25-SEP-1998 (first entry)
XX
DE   Survivin gene.
XX
KW   survivin; apoptosis; cellular apoptosis; transplantation; ss;
KW   motor neuron degenerative disease; HIV infection; immunosuppression;
KW   gastrointestinal perturbations; cardiovascular disorder.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
FH   Key            Location/Qualifiers
FT   CDS            2811..12044
FT                  /tag= a
FT                  /product= Survivin
FT   exon           2811..2921
FT                  /tag= b
FT   intron         2922..3173
FT                  /tag= c
FT                  /number= 1
FT   exon           3174..3283
FT                  /tag= d
FT                  /number= 1
FT   intron         3284..5157
FT                  /tag= e
FT                  /number= 2
FT   exon           5158..5275
FT                  /tag= f
FT                  /number= 2
FT   intron         5276..11954
FT                  /tag= g
FT                  /number= 3
FT   exon           11955..12044
FT                  /tag= h
FT                  /number= 4
XX
PN   WO982589-A2.
XX
PD   28-MAY-1998.
XX
PF   97WO-US21880.
XX
PR   97US-0975080.
PR   96US-0031435.
XX
PA   (UYYA ) UNIV YALE.
XX
PI   Altieri DC;
XX
DR   WPI; 1998-312475/27.
DR   P-PSDB; W614359.
XX
PT   Modulating apoptosis by controlling the Survivin gene - useful for
PT   treating transplant rejection, degenerative disorders and tumours
XX
PS   Disclosure; Fig 10; 108pp; English.
XX
CC   The survivin gene can be used to control apoptosis through modification
CC   of the gene.  Survivin peptides can be used to inhibit cellular
CC   apoptosis, e.g. for enhancing the viability of organs and tissues prior
CC   to their transplantation, for preserving the growth of cells in culture
CC   or for treating conditions involving abnormal apoptosis,
CC   e.g. degenerative diseases such as motor neuron degenerative diseases,
CC   HIV infection, dermatological effects of ageing, disorders and diseases
CC   such as immunosuppression, gastrointestinal perturbations, cardiovascular
CC   disorders, apoptosis related to reperfusion damage, rejection of tissue
CC   transplantation and Alzheimer's disease.  Agents which block Survivin
CC   activity can be used to treat e.g. tumours.
XX
SQ   Sequence 14796 BP; 3482 A; 3488 C; 3888 G; 3938 T; 0 other;
```

```
Query Match             3.3%;
Best Local Similarity  57.4%;    Score 355.8; DB 19;  Length 14796;
                                 Pred. No. 1e-53;
Matches  706;  Conservative    0;  Mismatches 507;  Indels  16;  Gaps    3;
```

```
Qy 8125 AGTAGGCCGGCACGGTGGCTCACGCCTGTAATCCCAGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGG 8184
        ||| |||||||||||||||| ||||||||| | ||||||||||| |||||||| ||||||||
Db 4458 agtggccggcacggtggctcacgcctgtaatacccagcacttggggaggccgaggcgggg 4517

Qy 8185 TGGATCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCCTGGCTAACACCCCATCTCTA 8244
        |||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||| ||||| ||| |
Db 4518 cggatcacgaggtcaggagatcgagaccatcttggctaacacgtgaaaccccgtctcca 4577

Qy 8245 ATAAAAATACAAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGCAGACGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGG 8304
        ||||||||||||||| |||||||||||||||||||  |||||||| || |||||||||||
Db 4578 ctaaaaatacaaaaaattagccgggcgtggtggtggtcgggcgcctgtagtcccagctactcgg 4637

Qy 8305 AAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCATGAACCCAGGAGGCAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTT 8364
        |||||||||||||||||||| |||||||| |||||||||||||||||| || ||||||| |
Db 4638 gaggctgaggcaggaggaatggcgttgaacccaggaggcggagcttgcagtgagccgagatt 4697

Qy 8365 GCGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGACAGAGTGAGACTCCATCTCAAAAAATAAAAATA 8424
        ||  ||||||| |||||||| |||| ||| |||| ||||| ||||||  |||||| ||||||
Db 4698 gcaccactgcactccagcctgggcgacaagagtgagactccgtctcaaaaaaaaaaaaaa 4757

Qy 8425 AAAATAAAAAATGAAAAAAAGAAAGTGAAGTATAGAGTTGAAGTATCTCATAGTTTGTCAGT 8484
        || |||||    || |||| | ||||||||||||||||||| |  || ||  || ||||
Db 4758 agaaaaaatctttacagtgggattacataacattccagtgaaatgaaattacttcaaac 4817

Qy 8485 GATAGAAACAGGTTCAAACTCAGTCAATCAGTCACCGTTGATCAATCTCAGACATCCACACCACTA 8544
        || ||| | || |  |||||  || |||||||||  |||  |||||||||||||||||
Db 4818 agtcctgagatgttgacatgtaattccttgacatacaataccatgtaa 4877

Qy 8545 CATTCAGTAGTTTAGATGCCTAGAATAAATAGAGAAGGAAGGAGGATGGCTCTTCTCTTGT 8604
        |||| ||||||| || ||| | ||| ||||||||||||||||||||| |  |||
Db 4878 cactttccaactaattgctaaggaagtccagataaaatagatacattagccacacagat 4937

Qy 8605 CTCATTGTGTTTCTTCTGAGTGAGCTTGAATCACATGAAGGGAACAGCAGAAAACAACC 8664
        |   |||||| ||   ||  ||  ||||  |  ||||||| ||||   || ||||||-----
Db 4938 gtgggggagatgtccacaggagagagaaggtgctaagaggtgccatatgggaa 4992

Qy 8665 AACTGATCCTCAGCTGCTCATGTTCCTTAAAGTCCCTGAAGCGAAGGTCCTGGAATGTG 8724
        |||  |||||| |||| |  |||| ||  ||| |||||||||
Db 4993 tgtggcttggcaaagcactgatgccatcaacctcagactgacgtcttacctcctgagcc 5052

Qy 8725 ACTCCCTTGCTCCTCTCGTTGCTCTCTTTGGCATTCATTCTTTGGACCCTACGCAAGGAC 8784
        | | |||||  |  |  | | | || ||| |||| |  |||  |||||||||||
Db 5053 agagcaggtgtgctgtggaggcgtggggaggcgtggggggtggcccgggggagtggactgccgct 5112

Qy 8785 TGTAATTGGTGGGGACAGCTAGTGGCCCTGCCTGGGCTTCACCACGGTGTCCTCCCTAGG 8844
        ||| |  || | | | || | | |  |||| ||| | | ||
Db 5113 ttaatccctcagctgcctttccgtctgttgtttgatttttctagagagaacataaaa 5172

Qy 8845 CCAGTGCCCTCGGAGTCAGAACTCTGGTGGTATTCCCTCAATGAGCTGGAGTAAGCTCT 8904
        |||  | | |  |  | || |  | | | || |  ||||
Db 5173 gcattcgtccggtgccttcgccatcaacctcagactgacgagagctgagaattaaccctgg 5232

Qy 8905 CTCATTTGAGATGGTATAATGGAAGCCACCAAGTGCTTAGAGGATGCCCAGGTCCTTC 8964
        ||| ||| ||  |  | ||| |||| |||| || ||| ||||
Db 5233 tgaattttgaaactggacagagaaagaccaagaacacaaaattgtatgtattgggaataa 5292

Qy 8965 CATGGAGCCACCTGGCTTCCGGTGCCACATTAAAAAAAAATCTAACCAGGACATTCAGGA 9024
```

```
CC   tumour markers and reagents in studying mechanism of tumour body
CC   formation, and gene diagnosis of tumours as well as in developing
CC   anti-cancer drugs. AAF97787 to AAF97829 represent PCR primers used in
CC   the exemplification of the present invention, and AAF97830 to AAF97874
CC   represent sequences given in the exemplification of the present
CC   invention.
XX
SQ   Sequence 23241 BP; 6514 A; 5392 C; 5828 G; 5507 T; 0 other;
```

```
Query Match             3.0%;  Score 328.6; DB 22;  Length 23241;
Best Local Similarity  57.9%;  Pred. No. 6.6e-49;
Matches 751;  Conservative  0;  Mismatches 509;  Indels  37;  Gaps  8;
```

```
Qy    8100 TTTCTTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGTAGGCCGGGCACGGTGGCTCACGCCTGTAATCC 8159
           |||||  || ||||| || ||| |||  ||||||||||  ||  || ||||||||||
Db   20523 tcctgtcaaaagtaattggcagtggctcaggcgcagtggctcacgcctgtaatcc 20582

Qy    8160 CAGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGGTGGATCACGAGGTCAGGAGATGGAGACCATCCTGG 8219
           |||||   |  | ||||  ||| || ||||| || || |||||| || ||||||||| ||
Db   20583 cagcac--tggaggccgagggggcgggtcgtgaagtcaggatcggagaccatccgg 20640

Qy    8220 CTAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATAC--AAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGG 8277
           ||||||||||||||||| |||||| |||||||||||||||||||||| ||  ||  ||||
Db   20641 ctaacatggtgaaacccgtctctactaaaaatacaaaaaattagccagccatggtgg 20700

Qy    8278 CAGACGCCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGAAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCATGAACCCAGG 8337
           | | ||||||||| |||||||||| | | ||||||||||||||| |||||||||||| ||
Db   20701 cgggcgcctgtaatcccagctacttgggaggctgaggcaggaggatggcatgaaccctggg 20760

Qy    8338 AGGCAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTTGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGTGACAGAGTG 8397
           |||||||| ||||||||||| ||| | |||||||||||||||||||| || ||||||| |
Db   20761 aggcagagcctgcagtgagctgagatcgcccactgcactccagcctgggcaacagagcg 20820

Qy    8398 AGACTCCATCTCAAAAAATAAAAATAAAAATAAAAATGAAAAAAAAGAGAAAGTGAA 8457
           || ||||  |||||||||       ||||||||||  |  ||     |
Db   20821 agctccgtctcaaaaaa------aaaaaaaaaaagtaattggcagtgactatgggc 20873

Qy    8458 GTATAGAGTATCTCATAGTTTGTCAGTGATAGAAACAGGTTCAAACTTCAGTCAATCTGA 8517
           | |   ||  | ||| || |     ||     |   || |    |  |  |    |
Db   20874 gcactgcctaacattagcctgccccatggaacatgtaaaaaaaagccagg 20933

Qy    8518 CC--GTTTGATACATCTCAGACACCACTACATTCAGTAGTTTAGATGCCTAGAATAAATA 8575
           ||  |  | |  |   | |||||||| ||| ||||  || |  ||||||  || ||  |
Db   20934 ccgagcgtgttggctcacgcttgtaatcccagcacttgggaggccgaggcgggtggatc 20993

Qy    8576 GAGAAGGAAGGAGATGGCCTCTTCTTCCTTGTCTC------ATTGTGTTTCTTCTGAGTG 8626
           || | ||  |||||| || || || |||  | ||        ||||||||| ||||||||
Db   20994 acgaggtcaggagatcgagaccatcctggctaacacagtgaaaccgtgtttttactaaaag 21053

Qy    8627 AGCTTGAATCACATGAAGGGAACAGCAGAAAAACAACCAACTGATCCTCAGCTGTCATGT 8686
           || ||    | |   |||  ||||| || |  ||| || |     |||||||| | |
Db   21054 tacaaaaacactggttgcgggtggcggtggcgcctgtagtcccagctactcgggaggctg 21113

Qy    8687 TTCCTTTAAAAGTCCCTGA------AGGAAGGTTGCTGGAATGTGACTCCCTTGCTCCTC 8739
           | | ||| ||| | || ||      |||| ||||| | | | |  | | | ||  | |
Db   21114 aggcaggagaattgcttgaaccgggagccagaagtgcagtgagccgagattgcgccac 21173

Qy    8740 TGTTGCTCTCTTTGGCATTCATT------TCTTTGGACCCTACCCAAGGACTGTAATTG 8792
           ||| ||| |  |||  |  | ||       |||| |  |  || || | | || | |||
Db   21174 tgtactccagcctgggtgacagagtgacactctgtctcaaaaaaaaaaaaggata 21233

Qy    8793 GTGGGGACAGCTAGTGCCCTGCTGGCCTTCACACACGGTGTCCTCCCTAGGCCAGTGCC 8852
           | | | ||| | | ||| | |||  || || | |    | || |||  |||  |||| |
Db   21234 ggcacgacagtggctcacacctttgatcccagcacttgggaggccgatgcaggcggatca 21293

Qy    8853 TCTGGAGTCAGAACTCTGGTGGTATTCCCTCCCATTGAATGAAGTGGAGTAAGCTCCTCCATTTT 8912
           | |  || ||||| | || |  ||   ||  ||| || |||   |  || || |
Db   21294 catgaggtcaggagttcaagaccaaccatatggtgaaaccccgtctctactaaa 21353

Qy    8913 GAGATGGTATAATGAAGCCACCA-AGTGGCTTAGAGGATGCCCAGGTCCTTCCATGGAG 8971
           |||||||| ||||||| |||| |  || |  || ||||| ||  |||  |||||| | |
Db   21354 aatacaaaaattagctgggcatgggcatggtgggcgtgcctgtaatcccagctactcgggaggca 21413
```

```
Db    5293 gaactgctcaaacctgttcaatgtcttagcactaaactacctagtcgctcaaagggac 5352
               ||           ||       |||        ||
Qy    9025 ATTGCTAGATTCTCGGAAATCAGTTCACCATGTTCAAAAGAGTCTTTTTTTTTTTTGA 9084
               || |||  ||| |||| || |||     |     ||
Db    5353 tctgtgtttcctcaggaagccatttttttttttctgagatagagtttcactcctg-- 5410
               ||||||  |||||      |||||||||||||  |||
Qy    9085 GACTCTTATTGCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCATGATCTCGGCTCACTGCAACCTCTGCCT 9144
               |||||||||||||
Db    5411 ------ttgccaggctggagtgcaatgtgcaatcttggctcactgcaacctctgcct 5463
               | ||||| ||||||||||||||||||||||||| |||||||||||
Qy    9145 CCCAGGTTCAAGCGATTCCTGTCTCAGCCTCCCAAGTAGCTGGGATTACAGGCGGTGCA 9204
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    5464 ctcggttcaagtgattcctcctgcctcagcctcccagtaactgggattacaggaagtg 5523
               || ||||||| | ||||| |||||||||||||||||||||||||  |||
Qy    9205 CCACCATGCCCGGCTAATTTTTGTATTTTTAGTAGAGACAGGGTTTCACCATGTTGGCCA 9264
               |||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||  |||  |||
Db    5524 ccacacaccagctaatttttgtatttttagtagagatggggtttcaccacattgccca 5583
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||| |||  |||
Qy    9265 GGCTGGTCTCGAACTCCTGACCTCGTGATCCGCCTGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGA 9324
               ||||||||||||||||| ||| |||| ||| ||||||||||||||||||||||  |||
Db    5584 ggctggtcttgaa--ctcctgacctgtgatccgcccacctcggcctcccaaagtgctgg 5641
               | ||||||||||    ||||||||| ||| |||||  |||||||||||||||||| |||
Qy    9325 GATTACAGGTGTGAGCCACCCTGCCAGC 9353
               ||||||||||||||||||||||||||
Db    5642 gattacaggcgtgaccaccacgcccctggc 5670
```

```
RESULT 15
AAF97870
ID   AAF97870 standard; DNA; 23241 BP.
XX
AC   AAF97870;
XX
DT   31-MAY-2001 (first entry)
XX
DE   Human neuroblastoma cell line NB-1 1p36 nucleotide sequence SEQ ID NO:84.
XX
KW   Human; chromosome 1; 1p36; neuroblastoma cell line; NB-1; anticancer;
KW   tumour suppressor; human 1p36 homozygosity deletion domain; tumour;
KW   diagnosis; ds.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
PN   WO200116311-A1.
XX
PD   08-MAR-2001.
XX
PF   31-AUG-2000; 2000WO-JP05930.
XX
PR   31-AUG-1999;   99JP-0245962.
PR   09-MAY-2000; 2000JP-0136266.
XX
PA   (HISM ) HISAMITSU PHARM CO LTD.
PA   (CHIB-) CHIBA PREFECTURE.
XX
PI   Nakagawara A;
XX
DR   WPI; 2001-226686/23.
XX
PT   Human 1p36 homozygosity deletion domain from the 36-position of first
PT   chromosome short arm in human neuroblastoma cell lines, applicable e.g.
PT   in gene diagnosis of tumors as well as in developing anti-cancer drugs
PT   -
XX
PS   Example 8; Page 189-198; 226pp; Japanese.
XX
CC   The present invention describes a homozygosity deletion domain
CC   co-existing in the 36-position of the first chromosome short arm (1p36)
CC   in human neuroblastoma. Also described are base sequences from the 1p36
CC   position of human neuroblastoma cell lines (NB-1 and MASS-NB-SCH-1),
CC   which are tumour suppressor genes in human neuroblastoma. The genes are
CC   tumour suppressor genes, base sequence data of which are applicable as
```

```
Qy   8972  CCACTGGGGTTCCGGTGCACATTAAAAAAAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCTA   9031
                 | |  | | | | |    | |  | | |   | |     ||| |    | |
Db  21414  gaggttgcagtgagctgagacgcaccactgcactccagcctgggtgacagagctagact  21473

Qy   9032  GATTCTGGGAAATCAGTTCACCATGTTCAAAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTGAGACTCTA   9091
                 |  | |  |  |  |  |  | |   |  | |||             | ||||
Db  21474  ccgtatctcaagaaaaaaaaagttttgttttgttgttttgtgagacagagtcctcactctg  21533

Qy   9092  TTGCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCATGATCTCGGCTCACTGTAACCTCTGCCTCCCAGGT   9151
              | || ||||||||||| ||||   |||||||||| |||| | ||||||||||
Db  21534  tcacctagtctggagtgcagtgcagtggcacattctcggctcactgcaaccccacctcccaggt  21593

Qy   9152  TCAAGCGATTCTCCTGTCTCAGCCTCCCAAGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCAT   9211
           |||||||||||||| |||||||| || ||||||||||||||| + | |||||
Db  21594  tcaagcgattcctcctgtttcagcctcctgagcagctgggattacaggcacgtgccaccat  21653

Qy   9212  GCCCGGCTAATTTTTGTATTTTTAGTAGAGACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGT   9271
           |||||||||||||||||||||||||||||||| ||   ||   |||||||||||||||
Db  21654  gcccggctaatttttgtattttttagtagagacaggghtttgtcacattggccaggctggt  21713

Qy   9272  CTCGAACTCTCCTGACCTCGTGATCCGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACA   9331
           || ||||    | ||||||| |    |||| |  |||| ||||||||||||| |||||||
Db  21714  ctcaaactcctgacctcaggtgatccacccacctcagcctcccaaagtgctgggattaca  21773

Qy   9332  GGTGTGAGCCACCCTGCCCAGCCGTCAAAAGAGTCTT   9368
           |||||||||||||  |  | || |||   | |   ||
Db  21774  ggtgtgagccaccaccccctggccagaaaaaaagctt  21810
```

Search completed: July 6, 2001, 15:58:15
Job time: 26914 sec

```
                    GenCore version 4.5
          Copyright (c) 1993 - 2000 Compugen Ltd.

OM nucleic - nucleic search, using sw model

Run on:       July 6, 2001, 08:29:41 ; Search time 199.74 Seconds
                                        (without alignments)
                                        10040.268 Million cell updates/sec

Title:          US-09-497-957-3
Perfect score:  10825
Sequence:       1 TCTAAGGTTGAGATAAATT.........TCCCCAAATTTTCATAAAC 10825

Scoring table:  IDENTITY_NUC
                Gapop 10.0 , Gapext 1.0

Searched:       317530 seqs, 92630169 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters:      635060

Minimum DB seq length: 0
Maximum DB seq length: 2000000000

Post-processing: Minimum Match 0%
                 Maximum Match 100%
                 Listing first 45 summaries

Database :      Issued_Patents_NA:*
                1: /cgn2_6/ptodata/2/ina/5A_COMB.seq:*
                2: /cgn2_6/ptodata/2/ina/5B_COMB.seq:*
                3: /cgn2_6/ptodata/2/ina/6A_COMB.seq:*
                4: /cgn2_6/ptodata/2/ina/6B_COMB.seq:*
                5: /cgn2_6/ptodata/2/ina/PCTUS_COMB.seq:*
                6: /cgn2_6/ptodata/2/ina/backfiles1.seq:*
```

Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a
score greater than or equal to the score of the result being printed,
and is derived by analysis of the total score distribution.

SUMMARIES

Result NO.	Score	% Query Match	Length	DB	ID	Description
1	10825	100.0	10825	3	US-08-652-265-3	Sequence 3, Appl1
2	10825	100.0	10825	4	US-08-834-497A-3	Sequence 3, Appl1
3	10825	100.0	10825	3	US-09-503-444A-3	Sequence 3, Appl1
4	10823.4	100.0	10825	3	US-08-652-265-1	Sequence 1, Appl1
5	10823.4	100.0	10825	4	US-08-652-265-7	Sequence 7, Appl1
6	10823.4	100.0	10825	4	US-08-834-497A-1	Sequence 1, Appl1
7	10823.4	100.0	10825	4	US-08-834-497A-7	Sequence 7, Appl1
8	10823.4	100.0	10825	4	US-09-503-444A-1	Sequence 1, Appl1
9	10823.4	100.0	10825	4	US-09-503-444A-7	Sequence 7, Appl1
10	10823.4	100.0	246240	2	US-08-724-394A-20	Sequence 20, Appl
11	10823.4	100.0	246240	2	US-08-724-394A-21	Sequence 21, Appl
12	10823.4	100.0	246240	2	US-08-724-394A-22	Sequence 22, Appl
13	10821.8	100.0	10825	3	US-08-652-265-5	Sequence 5, Appl1
14	10821.8	100.0	10825	4	US-08-834-497A-5	Sequence 5, Appl1
15	10821.8	100.0	10825	4	US-09-503-444A-5	Sequence 5, Appl1
16	517	4.8	517	1	US-08-632-673B-4	Sequence 4, Appl1
17	517	4.8	517	2	US-08-652-265-21	Sequence 21, Appl
18	517	4.8	517	4	US-08-834-497A-21	Sequence 21, Appl
19	517	4.8	517	1	US-09-503-444A-21	Sequence 21, Appl
20	516	4.8	517	1	US-08-632-673B-13	Sequence 13, Appl
21	515.4	4.8	517	3	US-08-632-673B-3	Sequence 3, Appl1
22	515.4	4.8	517	3	US-08-652-265-20	Sequence 20, Appl
23	515.4	4.8	517	4	US-08-834-497A-20	Sequence 20, Appl
24	515.4	4.8	517	3	US-09-503-444A-20	Sequence 20, Appl
25	358.4	3.3	360	3	US-08-905-124-5	Sequence 5, Appl1
26	321	3.0	1440	3	US-08-652-265-9	Sequence 9, Appl1
27	321	3.0	1440	3	US-08-652-265-10	Sequence 10, Appl
28	321	3.0	1440	4	US-08-834-497A-9	Sequence 9, Appl1
29	321	3.0	1440	4	US-08-834-497A-10	Sequence 10, Appl
30	321	3.0	1440	4	US-09-503-444A-9	Sequence 9, Appl1
31	321	3.0	1440	4	US-09-503-444A-10	Sequence 10, Appl
32	320.8	3.0	7210	2	US-08-257-963B-10	Sequence 10, Appl
33	320.8	3.0	7210	5	PCT-US95-07201-10	Sequence 10, Appl
34	320.8	3.0	22481	5	PCT-US95-07201-43	Sequence 43, Appl
c 35	320.2	3.0	7210	2	US-08-257-963B-10	Sequence 10, Appl
c 36	320.2	3.0	7210	5	PCT-US95-07201-10	Sequence 10, Appl
c 37	320.2	3.0	22481	5	PCT-US95-07201-43	Sequence 43, Appl
38	319.4	3.0	1440	3	US-08-652-265-11	Sequence 11, Appl
39	319.4	3.0	1440	4	US-08-834-497A-11	Sequence 11, Appl
40	319.4	3.0	1440	4	US-08-834-497A-12	Sequence 12, Appl
41	319.4	3.0	1440	4	US-09-503-444A-11	Sequence 11, Appl
42	319.4	3.0	1440	4	US-09-503-444A-12	Sequence 12, Appl
c 43	309.6	2.9	56516	2	US-08-996-306-1	Sequence 1, Appl1
c 45	305.2	2.8	10825	3	US-08-652-265-1	Sequence 1, Appl1

ALIGNMENTS

```
RESULT 1
US-08-652-265-3
; Sequence 3, Application US/08652265
; Patent No. 6025130
; GENERAL INFORMATION:
;   APPLICANT:  Thomas, Winston J.
;   APPLICANT:  Drayna, Dennis T.
;   APPLICANT:  Feder, John N.
;   APPLICANT:  Gnirke, Andreas
;   APPLICANT:  Ruddy, David
;   APPLICANT:  Tsuchihashi, Zenta
;   APPLICANT:  Wolff, Roger K.
;   TITLE OF INVENTION:  Hereditary Hemochromatosis Gene
;   NUMBER OF SEQUENCES: 44
;   CORRESPONDENCE ADDRESS:
;     ADDRESSEE:  Townsend and Townsend and Crew LLP
;     STREET:  Two Embarcadero Center, Eighth Floor
;     CITY:  San Francisco
;     STATE:  California
;     COUNTRY:  USA
;     ZIP:  94111-3834
;   COMPUTER READABLE FORM:
;     MEDIUM TYPE:  Floppy disk
;     COMPUTER:  IBM PC compatible
;     OPERATING SYSTEM:  PC-DOS/MS-DOS
;     SOFTWARE:  PatentIn Release #1.0, Version #1.30
;   CURRENT APPLICATION DATA:
;     APPLICATION NUMBER:  US/08/652,265
;     FILING DATE:  23-MAY-1996
;     CLASSIFICATION: 514
;   ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
;     NAME:  Smith, William M.
;     REGISTRATION NUMBER:  30,223
;     REFERENCE/DOCKET NUMBER:  17957-000500
;   TELECOMMUNICATION INFORMATION:
;     TELEPHONE:  (415) 576-0200
;     TELEFAX:  (415) 576-0300
; INFORMATION FOR SEQ ID NO:  3:
;   SEQUENCE CHARACTERISTICS:
;     LENGTH: 10825 base pairs
;     TYPE:  nucleic acid
;     STRANDEDNESS:  single
;     TOPOLOGY:  linear
;   MOLECULE TYPE:  DNA (genomic)
;   FEATURE:
;     NAME/KEY:  CDS
;     LOCATION:  join(361..436, 3762..4025, 4235..4510, 5606..5881,
;     LOCATION:  6040..6153, 7107..7147)
;     OTHER INFORMATION:  /product= "Hereditary Hemochromatosis
;     OTHER INFORMATION:
```

OTHER INFORMATION: mutation"
OTHER INFORMATION: /note= "Hereditary Hemochromatosis (HH)
OTHER INFORMATION: gene 24d1 allele"
FEATURE:
NAME/KEY: -
LOCATION: 140..7319
OTHER INFORMATION: /note= "start and stop positions for
OTHER INFORMATION: 24d1 allele cDNA (SEQ ID NO:10)"
FEATURE:
NAME/KEY: -
LOCATION: 3852..3891
OTHER INFORMATION: /note= "start and stop positions for
OTHER INFORMATION: genomic sequence surrounding variant
OTHER INFORMATION: for 24d2(C) allele (SEQ ID NO:41)"
FEATURE:
NAME/KEY: -
LOCATION: 5507..6023
OTHER INFORMATION: /note= "start and stop positions for
OTHER INFORMATION: genomic sequence surrounding variant
OTHER INFORMATION: for 24d1(A) allele (SEQ ID.NO:21)"
FEATURE:
NAME/KEY: allele
LOCATION: replace(5834,"a")
OTHER INFORMATION: /phenotype= "Hereditary Hemochromatosis
OTHER INFORMATION: /label= 24d1
US-08-652-265-3

Query Match   100.0%;   Score 10825;   DB 3;   Length 10825;
Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 0;
Matches 10825; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;

Qy   1 TCTAAGGTTGAGATAAAAATTTTAAATGTATGATTGAATTTGAAATCATAAAATATTTA   60
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1 TCTAAGGTTGAGATAAAAATTTTAAATGTATGATTGAATTTGAAATCATAAAATATTTA   60

Qy   61 AATATCTAAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTGCCAATCAACAACACCCCT 120
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   61 AATATCTAAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTGCCAATCAACAACACCCCT 120

Qy   121 TCAGGATTTAAAAACCAAGGGGGACACTGGATCACCTAGTGTTTCACCAAGCAGGTACCTT 180
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   121 TCAGGATTTAAAAACCAAGGGGGACACTGGATCACCTAGTGTTTCACCAAGCAGGTACCTT 180

Qy   181 CTGCTGTAGGAGGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTTTGCTTTTCACCAGGAAGTT 240
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   181 CTGCTGTAGGAGGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTTTGCTTTTCACCAGGAAGTT 240

Qy   241 TTACTGGGCATTCTCCTGAGCCTAGGCAATAGCTGTAGGGTGACTTCTGGAGCCATCCCG 300
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   241 TTACTGGGCATTCTCCTGAGCCTAGGCAATAGCTGTAGGGTGACTTCTGGAGCCATCCCG 300

Qy   301 TTTCCCCGCCCCCAAAAGAAGAGGAGATTTAACGGGACGTGCGGCCCAGAGCTGGGGAA 360
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   301 TTTCCCCGCCCCCAAAAGAAGAGGAGATTTAACGGGACGTGCGGCCCAGAGCTGGGGAA 360

Qy   361 ATGGGGCCCGGAGCCAGGCCAGGCCGCGGCTTCCTGATGCTTTTGCAGACCCGGTCCTG 420
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   361 ATGGGGCCCGGAGCCAGGCCAGGCCGCGGCTTCCTGATGCTTTTGCAGACCCGGTCCTG 420

Qy   421 CAGGGGGCGCTTGCTGCGTGAGTGAGTGCGGCTGCGGGCGGAACTAGGGGGCGGCGGGGTG 480
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   421 CAGGGGGCGCTTGCTGCGTGAGTGAGTGCGGCTGCGGGCGGAACTAGGGGGCGGCGGGGTG 480

Qy   481 GAAAAATCGAAACTAGCTTTTCTTTGCGCTTGGGAGTTTGCTAACTTTGGAGGACCTGC 540
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   481 GAAAAATCGAAACTAGCTTTTCTTTGCGCTTGGGAGTTTGCTAACTTTGGAGGACCTGC 540

Qy   541 TCAACCCTATCCGCAAGCCCCTCCCTACTTTCTGGTCCAGAGCCCGTCCAGAGGGAGTGC 600
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   541 TCAACCCTATCCGCAAGCCCCTCCCTACTTTCTGCGCTTGGGAGTTTGCTAACTTTGGAGGACCTGC 600

Qy   601 CTACCACTGAACTGCAGATAGGGGTCCCTCGCCCCAGGACCTGCCCCTCCCCCCGGCTGT 660
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   601 CTACCACTGAACTGCAGATAGGGGTCCCTCGCCCCAGGACCTGCCCCTCCCCCCGGCTGT 660

Qy   661 CCCGGCTCTGCGGAGTGACTTTGGAACCGCCACTCCCTTCCCCAACTAGAATGCTTT 720
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   661 CCCGGCTCTGCGGAGTGACTTTGGAACCGCCACTCCCTTCCCCAACTAGAATGCTTT 720

Qy   721 TAAATAAATCTGTAGTTCCTCACTTGAGCTGAGCTGAGCTAAGCCTGGGGCTCCTTGAACCTGG 780
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   721 TAAATAAATCTGTAGTTCCTCACTTGAGCTGAGCTGAGCTAAGCCTGGGGCTCCTTGAACCTGG 780

Qy   781 AACTCGGTTTATTCCAATGTCAGCTGTGCAGTTTTTCCCAGTCATCTCCAAACAGG 840
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   781 AACTCGGTTTATTCCAATGTCAGCTGTGCAGTTTTTCCCAGTCATCTCCAAACAGG 840

Qy   841 AAGTTCTTCCCTGAGTGCTTGCCGAGAAGGCTGAGCAAAACCCACAGCAGGATCCGCACGG 900
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   841 AAGTTCTTCCCTGAGTGCTTGCCGAGAAGGCTGAGCAAAACCCACAGCAGGATCCGCACGG 900

Qy   901 GGTTTCCACTTCAGAACGAATGCGTTGGGCGGTTGGGGCGCGAAAGAGTGGCGTTGGGGA 960
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   901 GGTTTCCACTTCAGAACGAATGCGTTGGGCGGTTGGGGCGCGAAAGAGTGGCGTTGGGGA 960

Qy   961 TCTGAATTCTTCACCATTCCACCCACTTTTGGTGAGACCTGGGGTGGAGGTCTCTAGGGT 1020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   961 TCTGAATTCTTCACCATTCCACCCACTTTTGGTGAGACCTGGGGTGGAGGTCTCTAGGGT 1020

Qy 1021 GGGAGGCTCCTGAGAGAGGCCTACCTCGGGCCTTCCCCACTCTTGGCAATTGTTCTTTT 1080
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 1021 GGGAGGCTCCTGAGAGAGGCCTACCTCGGGCCTTCCCCACTCTTGGCAATTGTTCTTTT 1080

Qy 1081 GCCTGGAAAATTAAGTATATGTTAGTTTGAACGTTTGAACTGAACTGAACAATTCTCTTTTCGG 1140
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 1081 GCCTGGAAAATTAAGTATATGTTAGTTTGAACGTTTGAACTGAACTGAACAATTCTCTTTTCGG 1140

Qy 1141 CTAGGCTTTATTGATTTGCAATGTGCTGTGTAATTAAGAGGGCCTCTCTACAAAGTACTGA 1200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 1141 CTAGGCTTTATTGATTTGCAATGTGCTGTGTAATTAAGAGGGCCTCTCTACAAAGTACTGA 1200

Qy 1201 TAATGAACATGTAAGCAATGCACTCACTTCTAAGTTACATTCATATCTGATCTTATTTGA 1260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 1201 TAATGAACATGTAAGCAATGCACTCACTTCTAAGTTACATTCATATCTGATCTTATTTGA 1260

Qy 1261 TTTTCACTAGGCATAGGGAGGTAGGAGCTAATAATACGTTTATTTTACTACGAAGTTAACT 1320
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 1261 TTTTCACTAGGCATAGGGAGGTAGGAGCTAATAATACGTTTATTTTACTACGAAGTTAACT 1320

Qy 1321 GGAATTCAGATTATATAAACTCTTTTCAGGTTACAAAGAACATAAATAATCTGGTTTTCTG 1380
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 1321 GGAATTCAGATTATATAAACTCTTTTCAGGTTACAAAGAACATAAATAATCTGGTTTTCTG 1380

Qy 1381 ATGTTATTTCAAGTACTACAGCTTCTTCTAATCTTAGTTGACAGTGATTTTGCCCTGTAG 1440
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 1381 ATGTTATTTCAAGTACTACAGCTTCTTCTAATCTTAGTTGACAGTGATTTTGCCCTGTAG 1440

Qy 1441 TGTAGCACAGTGTTCTGTGTGGTCACACGGCCTCAGCCACACCAGCCACTTGGTTTTGGTA 1500
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 1441 TGTAGCACAGTGTTCTGTGTGGTCACACGGCCTCAGCCACACCAGCCACTTGGTTTTGGTA 1500

Qy 1501 CTACGTGTATCCACATTTACACATGACAAGGATGAGGCGCAGAATGACAAGATGGCACGGCCTCGG 1560
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 1501 CTACGTGTATCCACATTTACACATGACAAGAATGACGCATGGCACGGCCTCGG 1560

Qy 1561 CAAATTTATTCAATGTGACTGGGCTTTGGTGGCCAGAGCTCCACTTCATAGC 1620
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 1561 CAAATTTATTCAATGTGACTGGGCTTTGGTGGCCAGAGCTCCACTTCATAGC 1620

Qy 1621 TATGATTCTTAAACATCACACTGCTTGAGGTTGAATAATAAAATTTCATGTTGAGCAG 1680
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 1621 TATGATTCTTAAACATCACACTGCTTGAGGTTGAATAATAAAATTTCATGTTGAGCAG 1680

Qy 1681 AAATAATCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGTGCCCATGTGTTGCACTGTTCAAGCCC 1740

```
Db   1681  AAATATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGTCCAGCCATGTGTTGCACTGTTCAAGCCC   1740
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Qy   1741  CAAGGGAGAGCAGGGAAACAAGTCTTTACCCTTTGATATTTGCATTCTAGTGGGAGA     1800
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1741  CAAGGGAGAGCAGGGAAACAAGTCTTTACCCTTTGATATTTGCATTCTAGTGGGAGA     1800

Qy   1801  GATGACAATAAGCAAATGAGCAGAAGAAAGATATACAACATCAGGAAATCATGGGTGTTGTGA   1860
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1801  GATGACAATAAGCAAATGAGCAGAAGAAAGATATACAACATCAGGAAATCATGGGTGTTGTGA   1860

Qy   1861  GAAGCAGAAGTCAGGCAAGTCACTCTGGGCTGCACACTTGAGCAGACAGCATGAAGGA     1920
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1861  GAAGCAGAAGTCAGGCAAGTCACTCTGGGCTGCACACTTGAGCAGACAGCATGAAGGA     1920

Qy   1921  AATAAGAATGATATTGACTGGGAGCAGTATTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCCTGGCAAG    1980
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1921  AATAAGAATGATATTGACTGGGAGCAGTATTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCCTGGCAAG    1980

Qy   1981  TTGGATTAAAAAGCGGTTTTCTCAGCACTACTACTGTGTGTGTGTGGGGGGGG         2040
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1981  TTGGATTAAAAAGCGGTTTTCTCAGCACTACTACTGTGTGTGTGTGGGGGGGGG        2040

Qy   2041  CGGCGTGGGGTGGGAAGGGGACTACCATCTGCATGTAGGATGTCTAGCCAGTATCCTGT   2100
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2041  CGGCGTGGGGTGGGAAGGGGACTACCATCTGCATGTAGGATGTCTAGCCAGTATCCTGT   2100

Qy   2101  CCTCCCTACTCACTAGGTGCTAGGAGCACTCCCCCAGTCTTGACAACCAAAAATGTCTCT  2160
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2101  CCTCCCTACTCACTAGGTGCTAGGAGCACTCCCCCAGTCTTGACAACCAAAAATGTCTCT  2160

Qy   2161  AAACTTTGCCACATGTCAACATGTCACCTAGTAGACAAACTCCTGGTTAAGAAGCTCGG   2220
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2161  AAACTTTGCCACATGTCAACATGTCACCTAGTAGACAAACTCCTGGTTAAGAAGCTCGG   2220

Qy   2221  AATAAACAAGTAGTGCTGGGGGAGTAGAGGCCAAGAAGTAGTAATTGGGCTCAGAAGAGGA  2280
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2221  AATAAACAAGTAGTGCTGGGGGAGTAGAGGCCAAGAAGTAGTAATTGGGCTCAGAAGAGGA  2280

Qy   2281  GCCACAAACAAGGTTGTGCAGGCGCCTGTAGGCTGTGGTGTGAATTCTAGCCAAGGAGTA   2340
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2281  GCCACAAACAAGGTTGTGCAGGCGCCTGTAGGCTGTGGTGTGAATTCTAGCCAAGGAGTA   2340

Qy   2341  ACAGTGATCTGTCACAGGCTTTAAAAGATTGCTCTGGCCTGCTATCTGGAAAGCAGAATG   2400
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2341  ACAGTGATCTGTCACAGGCTTTAAAAGATTGCTCTGGCCTGCTATCTGGAAAGCAGAATG   2400

Qy   2401  AAGGGACCAACAGTAAAAGCAGGGAGCCCAGCCAGAAGCTGTTACACAGTCCAGGCAAG    2460
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2401  AAGGGACCAACAGTAAAAGCAGGGAGCCCAGCCAGAAGCTGTTACACAGTCCAGGCAAG    2460

Qy   2461  AGGTAGTGGAGTGGGCTGGGCTGGGGTGGGAACAGAGAAAAGGGAGTGACAAACCATTGTCTCCTGAA  2520
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2461  AGGTAGTGGAGTGGGCTGGGCTGGGGTGGGAACAGAGAAAAGGGAGTGACAAACCATTGTCTCCTGAA  2520

Qy   2521  TATATTCTGAAGGAAGTTGCTGAAGGATTCTATGTGTGAGAGAAAGAGAAGAATTGG     2580
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2521  TATATTCTGAAGGAAGTTGCTGAAGGATTCTATGTGTGAGAGAAAGAGAAGAATTGG     2580

Qy   2581  CTGGGTGTAGTGTCATGCGGGGCCAAGGAGCCAGATTCCTGAGCTCAGGA           2640
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2581  CTGGGTGTAGTGTCATGCGGGGCCAAGGAGCCAGATTCCTGAGCTCAGGA           2640

Qy   2641  GTTCAAGACCACCAGCCTGTGGGCAACACAGCCAAACCCCTTCTCTACAAAAATACAAAAATTA   2700
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2641  GTTCAAGACCACCAGCCTGTGGGCAACACAGCCAAACCCCTTCTCTACAAAAATACAAAAATTA   2700

Qy   2701  GCTGGGTGTGGTGGCATGCACCTGTAGTCCCAGCTACTCGGGAGGCTGAGGCAGGGTA     2760
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2701  GCTGGGTGTGGTGGCATGCACCTGTAGTCCCAGCTACTCGGGAGGCTGAGGCAGGGTA     2760

Qy   2761  TTGCTTGAGCCCAGGAGGTCGAGGCTGCAGTGAGCCATGACTGTGCCACTGTACTTCAGC   2820
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db   2761  TTGCTTGAGCCCAGGAGGTCGAGGCTGCAGTGAGCCATGACTGTGCCACTGTACTTCAGC   2820

Qy   2821  CTAGGTGACAGAGCAAGACACCCGTCCCCTGACCCCCTGAAAAAGAGAGAGAGTAAAGT    2880
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2821  CTAGGTGACAGAGCAAGACACCCGTCCCCTGACCCCCTGAAAAAGAGAGAGAGTAAAGT    2880

Qy   2881  TGACTTTGTTCTTTATTTTAATTTTATTGGCCTGACCAGTGGGGTAATTGGCAATGCCAT   2940
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2881  TGACTTTGTTCTTTATTTTAATTTTATTGGCCTGAGCAGTGGGGTAATTGGCAATGCCAT   2940

Qy   2941  TTCTGAGATGGTGAAGGCAGAGGAAAGAGCAGTTTGGGTAAATCAAGGATCTGCATTTG    3000
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2941  TTCTGAGATGGTGAAGGCAGAGGAAAGAGCAGTTTGGGTAAATCAAGGATCTGCATTTG    3000

Qy   3001  GGACATGTTAAGTTGAGATTCCAGTCAGGCTTCCAAGTGGTGAGGCCACATAGGCAGTT   3060
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3001  GGACATGTTAAGTTGAGATTCCAGTCAGGCTTCCAAGTGGTGAGGCCACATAGGCAGTT   3060

Qy   3061  CAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGCCACGGTGGCTCACTCTGTAATCCCAGCACT   3120
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3061  CAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGCCACGGTGGCTCACTCTGTAATCCCAGCACT   3120

Qy   3121  TTGGTGGCTGAGGCAGGTAGATCATTTGAGGTCAGGAGTTCGAGACAAGCTTGGCCAACA  3180
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3121  TTGGTGGCTGAGGCAGGTAGATCATTTGAGGTCAGGAGTTCGAGACAAGCTTGGCCAACA  3180

Qy   3181  TGGTGAAACCCCATGTCTACTAAAAATACAAAAATTAGCCGGGCACGGTGGTGGGCACGCCT  3240
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3181  TGGTGAAACCCCATGTCTACTAAAAATACAAAAATTAGCCGGGCACGGTGGTGGGCACGCCT  3240

Qy   3241  ATAGTCCCAGGTTTCAGGAGGCTTAGGTAGGAGAATCCCAGGAGGTGCAGG         3300
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3241  ATAGTCCCAGGTTTCAGGAGGCTTAGGTAGGAGAATCCCAGGAGGTGCAGG         3300

Qy   3301  TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGATAGAGTGAGACTCTGT  3360
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3301  TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGATAGAGTGAGACTCTGT  3360

Qy   3361  CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATTTGGG      3420
           ||||||||||||||||||||||||         |||||||||||||||||||||||
Db   3361  CTCAAAAAAAAAACCATGTCTACTAAAAATACAAAAACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATTTGGG  3420

Qy   3421  TCTAATTGCCCTGAGCACCAACCTCGAGTTCAACTACCATGCTAGACACACCTTAAC     3480
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3421  TCTAATTGCCCTGAGCACCAACCTCGAGTTCAACTACCATGCTAGACACACCTTAAC     3480

Qy   3481  ATTTTCTAGAATCCACCAGCTTGTCTAATCATGAGTATTCATAATCATGAGTATTGGAATAGGAT  3540
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3481  ATTTTCTAGAATCCACCAGCTTGTCTAATCATGAGTATTCATAATCATGAGTATTGGAATAGGAT  3540

Qy   3541  CTGGGGCAGTGAGGGGTGCAGCCACGTGTGGCAGAAAAGCACACAGGAAAGAGC       3600
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3541  CTGGGGCAGTGAGGGGTGCAGCCACGTGTGGCAGAAAAGCACACAGGAAAGAGC       3600

Qy   3601  ACCCAGGACTGTCATATGGAAGAACAGGAAGACAGGAGCTGCCAACTGCAACCTTCACCAAAATGAGGA  3660
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3601  ACCCAGGACTGTCATATGGAAGAACAGGAAGACAGGAGCTGCCAACTGCAACCTTCACCAAAATGAGGA  3660

Qy   3661  CCAGACACAGCTGATGGTATGGGTGTGGATGTGTGAATTCATCAGAACATCCTGTCCC    3720
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3661  CCAGACACAGCTGATGGTATGGGTGTGGATGTGTGAATTCATCAGAACATCCTGTCCC    3720

Qy   3721  CTCCTACTACAGCTGTTGCTTTCGTTCAAGGTTCACACTTCTCTGCACTA          3780
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3721  CTCCTACTACAGCTGTTGCTTTCGTTCAAGGTTCACACTTCTCTGCACTA          3780

Qy   3781  CCTCTTCATGGGTGCTGGGCTGTTGGAAGCTTTGTTGAAGCTTTGGGCTA          3840
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3781  CCTCTTCATGGGTGCTGGGCTGTTGGAAGCTTTGTTGAAGCTTTGGGCTA          3840

Qy   3841  CGTGGATGACCAGCTGTTCGTTCGTTCGTTCTGATCATGAGAGTGTGGAGCCCCGAAC   3900
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3841  CGTGGATGACCAGCTGTTCGTTCGTTCGTTCTGATCATGAGAGTGTGGAGCCCCGAAC   3900
```

```
Qy  4981  GCTAATTGGAAGGCTGAGGCGAGGCAGGAGCATCGCTTGAACCTGGGAAGCGGGAAGTTGCACTGA  5040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4981  GCTAATTGGAAGGCTGAGGCGAGGCAGGAGCATCGCTTGAACCTGGGAAGCGGGAAGTTGCACTGA  5040

Qy  5041  GCCAAGATCGCGCCACTGCACCTCCAGCCTGGCAGCAGAGTGAGACTCCATCTTAAAAAA  5100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5041  GCCAAGATCGCGCCACTGCACCTCCAGCCTGGCAGCAGAGTGAGACTCCATCTTAAAAAA  5100

Qy  5101  AAAAAAAAAAAAAGAGAATTCAGAGATCTCAGCTATCATATGAATACCAGGACAAA  5160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5101  AAAAAAAAAAAAAGAGAATTCAGAGATCTCAGCTATCATATGAATACCAGGACAAA  5160

Qy  5161  ATATCAAGTGAGGCCACTTATCAGAGTAGAAGAATCCTTTAGGTTAAAAGTTTCTTTCAT  5220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5161  ATATCAAGTGAGGCCACTTATCAGAGTAGAAGAATCCTTTAGGTTAAAAGTTTCTTTCAT  5220

Qy  5221  AGAACATAGCAATAATCACTGAAGCTACCTATCTTACAAGTCCGCTTCTTATAACAATGC  5280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5221  AGAACATAGCAATAATCACTGAAGCTACCTATCTTACAAGTCCGCTTCTTATAACAATGC  5280

Qy  5281  CTCCTAGGTTGACCCAGGTGAAACTGACCATCTGTATTCAATCATTTTCAATGCACATAA  5340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5281  CTCCTAGGTTGACCCAGGTGAAACTGACCATCTGTATTCAATCATTTTCAATGCACATAA  5340

Qy  5341  AGGGCAATTTTATCTATCAGAACAAAGAACATGGTAACAGATATGTATATTTACATGTG  5400
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5341  AGGGCAATTTTATCTATCAGAACAAAGAACATGGTAACAGATATGTATATTTACATGTG  5400

Qy  5401  AGGAGAACAAGCTGATCGACTGCTCTCCAAGTGACACTGCTTGTTTTTCTGAAAAGGGTATTCCTTCCTCC  5460
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5401  AGGAGAACAAGCTGATCGACTGCTCTCCAAGTGACACTGCTTGTTTTTCTGAAAAGGGTATTCCTTCCTCC  5460

Qy  5461  ACACAAAATGGTGTCTCTCCTGAGCTTGTTTTTCTGAAAAGGGTATTCCTTCCTCC  5520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5461  ACACAAAATGGTGTCTCTCCTGAGCTTGTTTTTCTGAAAAGGGTATTCCTTCCTCC  5520

Qy  5521  AACCTATAGAAGGAAGTGAAAGTTCCAGTCTTCCTGCCAAGGGTAAACAGATCCCCTCTC  5580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5521  AACCTATAGAAGGAAGTGAAAGTTCCAGTCTTCCTGCCAAGGGTAAACAGATCCCCTCTC  5580

Qy  5581  CTCATCCTTCCTCTTCCTCTTTCCTGTCAAGTGCCTCCTTTGGTGAAGGTGACACATCATGTGACC  5640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5581  CTCATCCTTCCTCTTCCTCTTTCCTGTCAAGTGCCTCCTTTGGTGAAGGTGACACATCATGTGACC  5640

Qy  5641  TCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGGGCCTTGAACTACTACCCCCAGGAACATCACCATG  5700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5641  TCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGGGCCTTGAACTACTACCCCCAGGAACATCACCATG  5700

Qy  5701  AAGTGGCTGAAGGATAAGCAGCCAATGGATGCGAAGGAGTTCGAACCTAAAGACGTATTG  5760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5701  AAGTGGCTGAAGGATAAGCAGCCAATGGATGCGAAGGAGTTCGAACCTAAAGACGTATTG  5760

Qy  5761  CCCAATGGGATGGACTGGACCTACCAGGGTCTGGATAACCTTGGCTGTACCCCCTGGGGAAGAG  5820
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5761  CCCAATGGGATGGACTGGACCTACCAGGGTCTGGATAACCTTGGCTGTACCCCCTGGGGAAGAG  5820

Qy  5821  CAGAGATACGTACCAGGTGGAGCACCCAGGCCTGGATCAGCCCCTCATTGTGATCTGG  5880
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5821  CAGAGATACGTACCAGGTGGAGCACCCAGGCCTGGATCAGCCCCTCATTGTGATCTGG  5880

Qy  5881  GGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGCTGAGAAAATCTATTGGGGGTTGAGAGGAGTGCC  5940
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5881  GGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGCTGAGAAAATCTATTGGGGGTTGAGAGGAGTGCC  5940

Qy  5941  TGAGGAGGTAATTATGCAGTGAGATGAGGACGATCTGCTCTTGCTTCTTTGCTCTTTAGGGGGTTGGGCTGAGG  6000
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5941  TGAGGAGGTAATTATGCAGTGAGATGAGGACGATCTGCTCTTGCTTCTTTGCTCTTTAGGGGGTTGGGCTGAGG  6000

Qy  6001  GTGGCAATCAAAGGCTTTAAACTTGCTTTTCTTTTCTGTTTTAGAGCCCTCGGCCACCC  6060
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6001  GTGGCAATCAAAGGCTTTAAACTTGCTTTTCTTTTCTGTTTTAGAGCCCTCGGCCACCC  6060

Qy  6061  TAGTCATTGGAGTCATCAGTGAATTGCTGTTTTGTCGTCATTGGAATTT  6120
```

```
Qy  3901  TCCATGGGTTCCAGTAGAATTTCAAGCCAGATGTGGCTGCAGCTGAGTCAGAGTCTGAA  3960
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3901  TCCATGGGTTCCAGTAGAATTTCAAGCCAGATGTGGCTGCAGCTGAGTCAGAGTCTGAA  3960

Qy  3961  AGGGTGGGATCACATGTTCACTGTTGACTTCTGGACTATTATGGAAAATCACAACCACAG  4020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3961  AGGGTGGGATCACATGTTCACTGTTGACTTCTGGACTATTATGGAAAATCACAACCACAG  4020

Qy  4021  CAAGGGTATGTGGAGAGGGGCCTCACCTTCCTCGAGTTGTCAGAGCTTTCATCTTTTC  4080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4021  CAAGGGTATGTGGAGAGGGGCCTCACCTTCCTCGAGTTGTCAGAGCTTTCATCTTTTC  4080

Qy  4081  ATGCATCTTGAAGGAAACAGCTGGAAGTCTGGAGAGTCTGAGGTGGGAGCAGGAGGAGGAAG  4140
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4081  ATGCATCTTGAAGGAAACAGCTGGAAGTCTGGAGAGTCTGAGGTGGGAGCAGGAGGAGGAAG  4140

Qy  4141  GAATTTGCTTCCTGAGATCATTTGGTCCCTGGGGATGTGGAAATAGGGACCTATTCCTT  4200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4141  GAATTTGCTTCCTGAGATCATTTGGTCCCTGGGGATGTGGAAATAGGGACCTATTCCTT  4200

Qy  4201  TGGTTGCAGTTAACAAGGCTGGGATTTTCAGAGATCCCACACCCTGCAGGTCATCCTG  4260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4201  TGGTTGCAGTTAACAAGGCTGGGATTTTCAGAGATCCCACACCCTGCAGGTCATCCTG  4260

Qy  4261  GGCTGTGAAATGCAAGAGACAACAGTACCGAGGGCTACTGGAAGTGCGTATGGGGTATGATGGG  4320
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4261  GGCTGTGAAATGCAAGAGACAACAGTACCGAGGGCTACTGGAAGTGCGTATGGGGTATGATGGG  4320

Qy  4321  CAGGACCACTTGAATTCTGCCCTGACACTGATTGGAGAGCAGCAGAACCCAGGGCC  4380
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4321  CAGGACCACTTGAATTCTGCCCTGACACTGATTGGAGAGCAGCAGAACCCAGGGCC  4380

Qy  4381  TGGCCCACCAAGCTGGAGTGGGAAAGGCACAAGATTCGGGCAGCAGAACAGGGCCTAC  4440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4381  TGGCCCACCAAGCTGGAGTGGGAAAGGCACAAGATTCGGGCAGCAGAACAGGGCCTAC  4440

Qy  4441  CTGGAGAGGGGACTGCCCTGCACAGCTGCAGCAGTTGCTGGGAGCTGGGAGAGTGTTTTG  4500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4441  CTGGAGAGGGGACTGCCCTGCACAGCTGCAGCAGTTGCTGGGAGCTGGGAGAGTGTTTTG  4500

Qy  4501  GACCAACAAGGTATGGTGGAAACACACTTCTGCCCCTATACTCTAGTGCAGAGTGGAGG  4560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4501  GACCAACAAGGTATGGTGGAAACACACTTCTGCCCCTATACTCTAGTGCAGAGTGGAGG  4560

Qy  4561  AGGTTGCAGGGCACGGAATCCCTGGTTGGAGTTCAGAGGCTGTGAGGCTGTGTGCCTC  4620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4561  AGGTTGCAGGGCACGGAATCCCTGGTTGGAGTTCAGAGGCTGTGAGGCTGTGTGCCTC  4620

Qy  4621  TCCAAATTCTGGGAAGGGACTTTCTCAATCCTATAATTGAGATGTA  4680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4621  TCCAAATTCTGGGAAGGGACTTTCTCAATCCTATAATTGAGATGTA  4680

Qy  4681  TGAGACAGCCACAAGTCATGGGTTAATTCTTTCTCCATGCATATGGCTCAAAGGGAA  4740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4681  TGAGACAGCCACAAGTCATGGGTTAATTCTTTCTCCATGCATATGGCTCAAAGGGAA  4740

Qy  4741  GTGTCTATGGCCTTTGCTTTTATTTAACCAATAATCTTTGTATATTTATACCTGTTAA  4800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4741  GTGTCTATGGCCTTTGCTTTTATTTAACCAATAATCTTTGTATATTTATACCTGTTAA  4800

Qy  4801  AAATTCAGAAATGTCAAGCTCAAGGCCGGCACCGTGGCTCACCCTGTAATCCCAGCACTTTGGG  4860
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4801  AAATTCAGAAATGTCAAGCTCAAGGCCGGCACCGTGGCTCACCCTGTAATCCCAGCACTTTGGG  4860

Qy  4861  AGGCCGAGGCGGGCGGTCACAAGGTCAGGAGTTCGAGACCAGCCTGACCAACATGGTGAA  4920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4861  AGGCCGAGGCGGGCGGTCACAAGGTCAGGAGTTCGAGACCAGCCTGACCAACATGGTGAA  4920

Qy  4921  ACCCGTCTCTAAAAAATACAAAAATTAGCTGTCACTGTGCACCTGTAGTCCCA  4980
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4921  ACCCGTCTCTAAAAAATACAAAAATTAGCTGTCACTGTGCACCTGTAGTCCCA  4980
```

```
Db 7141 TGAGTGACACCGCAGCCTGCAGACTCACTGTGGAGGAGACAAAACTAGAGACTCAAAGA 7200
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy 7201 GGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCATGTTCAGGAGAGAGAGTTGAACCTAAACATAGAAATT 7260
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 7201 GGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCATGTTCAGGAGAGAGAGTTGAACCTAAACATAGAAATT 7260

Qy 7261 GCCTGACGAACTCCTTGATTTTAGCCTTCTCGTTCATTTCCTCAAAAAGATTTCCCCAT 7320
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 7261 GCCTGACGAACTCCTTGATTTTAGCCTTCTCGTTCATTTCCTCAAAAAGATTTCCCCAT 7320

Qy 7321 TTAGGTTTCTGAGTTCTGCATGCCGGTGATCCCTAGCTGCAGCCTCCCCTGGAACTG 7380
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 7321 TTAGGTTTCTGAGTTCTGCATGCCGGTGATCCCTAGCTGCAGCCTCCCCTGGAACTG 7380

Qy 7381 TCTCTCATGAACCTCAAGCTGCATCTAGAGGCTTCCTTCCGTCACCTCAGAG 7440
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 7381 TCTCTCATGAACCTCAAGCTGCATCTAGAGGCTTCCTTCCGTCACCTCAGAG 7440

Qy 7441 ACATACACCTATGTCATTTCATTTCCTATTTTGGAAGAGGACTCCTTAAATTTGGGGGA 7500
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 7441 ACATACACCTATGTCATTTCATTTCCTATTTTGGAAGAGGACTCCTTAAATTTGGGGGA 7500

Qy 7501 CTTACATGATTCATTTTAACATCTGAGAAAAGCTTTGAACCCTGGCTGGCTAGTCAT 7560
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 7501 CTTACATGATTCATTTTAACATCTGAGAAAAGCTTTGAACCCTGGCTGGCTAGTCAT 7560

Qy 7561 AACCTTACCAGATTTTACACATGTATCATGTATCATTTTCTGGACCCGTTCAACTTTTCCT 7620
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 7561 AACCTTACCAGATTTTACACATGTATCATGTATCATTTTCTGGACCCGTTCAACTTTTCCT 7620

Qy 7621 TTGAATCCTCTCTGTGTACCCAGTAACTCATCTGTCACGTAACCTTGGGATTCTTC 7680
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 7621 TTGAATCCTCTCTGTGTACCCAGTAACTCATCTGTCACGTAACCTTGGGATTCTTC 7680

Qy 7681 CATCTGATTGTGATGTGAGTTGCACAGCTATGAAGGCTGTACACTGACGAATGGAAGAG 7740
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 7681 CATCTGATTGTGATGTGAGTTGCACAGCTATGAAGGCTGTACACTGACGAATGGAAGAG 7740

Qy 7741 GCACCTGTCCCAGAAAAGCATCATGGCTATCGTGGGTAGTATGATGGGTGTTTTTAGC 7800
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 7741 GCACCTGTCCCAGAAAAGCATCATGGCTATCGTGGGTAGTATGATGGGTGTTTTTAGC 7800

Qy 7801 AGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGGTTGTGAAGAGTGTTTTTCTCAATTGGCATGA 7860
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 7801 AGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGGTTGTGAAGAGTGTTTTTCTCAATTGGCATGA 7860

Qy 7861 AGGTGTCATACAGATTTGCAAAGTTTAATGTGCCTTCATTTGGGATGCTACTCCTAGTAT 7920
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 7861 AGGTGTCATACAGATTTGCAAAGTTTAATGTGCCTTCATTTGGGATGCTACTCCTAGTAT 7920

Qy 7921 TCCAGACCTGAAGAATCACAATAATTTTCTACCTGGTCTCTCCCGTCTTCTGATAATGAAA 7980
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 7921 TCCAGACCTGAAGAATCACAATAATTTTCTACCTGGTCTCTCCCGTCTTCTGATAATGAAA 7980

Qy 7981 ATTATGATAAGGATGATAAAAGCACTTACACTTCGTCCGACTCTTCGTAGCACCACTACTTA 8040
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 7981 ATTATGATAAGGATGATAAAAGCACTTACACTTCGTCCGACTCTTCGTAGCACCACTACTTA 8040

Qy 8041 CATGCATTACTGCATGCACTTCTTACAATAATTCTATGAGATAGGTACTATTATCCCCAT 8100
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 8041 CATGCATTACTGCATGCACTTCTTACAATAATTCTATGAGATAGGTACTATTATCCCCAT 8100

Qy 8101 TTCTTTTTTAAATGAAGAAGAAGTGAAGTGAGGGCCGGCACGGTGGCTCACGCCTGTAATCCC 8160
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 8101 TTCTTTTTTAAATGAAGAAGAAGTGAAGTGAGGGCCGGCACGGTGGCTCACGCCTGTAATCCC 8160

Qy 8161 AGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGGTGGATCAGGAGATCGAGACCATCCTGGC 8220
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 8161 AGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGGTGGATCAGGAGATCGAGACCATCCTGGC 8220

Qy 8221 TAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGCAG 8280
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 8221 TAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGCAG 8280
```

```
Db 6061 TAGTCATTGGAGTCATCAGTGAATGCTGTGTTTTGCGTCATCTTGTTCATTGGAATTT 6120
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy 6121 TGTTCATATAATTAAGGAAGAGGCAGGGTTCAAGTGAGTAGGAACAAGGGGAAGTCTCT 6180
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 6121 TGTTCATATAATTAAGGAAGAGGCAGGGTTCAAGTGAGTAGGAACAAGGGGAAGTCTCT 6180

Qy 6181 TAGTACCTCTGCCCCAGGCCACAGTGGGAAGAGGGCAGAGGGGATCTGGCATCCATGGG 6240
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 6181 TAGTACCTCTGCCCCAGGCCACAGTGGGAAGAGGGCAGAGGGGATCTGGCATCCATGGG 6240

Qy 6241 AAGCATTTTCTCATTTATATTCTTTGGGACACCAGCAGCTCCCTGGGAGGACAGAAAAT 6300
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 6241 AAGCATTTTCTCATTTATATTCTTTGGGACACCAGCAGCTCCCTGGGAGGACAGAAAAT 6300

Qy 6301 AATGGTTCTCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCAACAAAACATCTTCAGAGCACCTACTAT 6360
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 6301 AATGGTTCTCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCAACAAAACATCTTCAGAGCACCTACTAT 6360

Qy 6361 TTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTAGTACAGGGGCTTTGAGGTTGAGAAGTCACTGTGGCTAT 6420
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 6361 TTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTAGTACAGGGGCTTTGAGGTTGAGAAGTCACTGTGGCTAT 6420

Qy 6421 TCTCAGAACCCAAATCTGGTAGGGAATGAAATTGATAGCAAGTAAATGTAGTTAAAGAAG 6480
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 6421 TCTCAGAACCCAAATCTGGTAGGGAATGAAATTGATAGCAAGTAAATGTAGTTAAAGAAG 6480

Qy 6481 ACCCCATGAGGTCCTAAAGCAGGAGCCAAATGCTTAGGGTGTCAAAGGAAAGAAATG 6540
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 6481 ACCCCATGAGGTCCTAAAGCAGGAGCCAAATGCTTAGGGTGTCAAAGGAAAGAAATG 6540

Qy 6541 ATCACATTCAGCTGGGATCAAGATAGCATTTTCTACCCCCTGCGAACATCTGTGGTAGGGAAAAGA 6600
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 6541 ATCACATTCAGCTGGGATCAAGATAGCATTTTCTACCCCCTGCGAACATCTGTGGTAGGGAAAAGA 6600

Qy 6601 TTAGGTGAGGTTGAAGAGTGAAGATGGGAGGCGAGCTCACACAGACGGAGCAACCATGCCAAGTAGGA 6660
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 6601 TTAGGTGAGGTTGAAGAGTGAAGATGGGAGGCGAGCTCACACAGACGGAGCAACCATGCCAAGTAGGA 6660

Qy 6661 GAGTATAAGGCATACTGGGAGATTAGAAATAATTACTGTACCTGAGTTTGCGT 6720
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 6661 GAGTATAAGGCATACTGGGAGATTAGAAATAATTACTGTACCTGAGTTTGCGT 6720

Qy 6721 AGCTACACTCACCAATTACATTTCTACCCCCTGCGAACATCTGTGGTAGGGAAAAGA 6780
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 6721 AGCTACACTCACCAATTACATTTCTACCCCCTGCGAACATCTGTGGTAGGGAAAAGA 6780

Qy 6781 GAATCAGAAAGAAGCCAGCTCATACAGAGTGGGAGGTCTTTTGGGATATTTGGGTTATGA 6840
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 6781 GAATCAGAAAGAAGCCAGCTCATACAGAGTGGGAGGTCTTTTGGGATATTTGGGTTATGA 6840

Qy 6841 TCACTGGGGTGTCATTGAAGGATCCTAAGAAAGGAGGACCACGATCTCCCTTATATGGTG 6900
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 6841 TCACTGGGGTGTCATTGAAGGATCCTAAGAAAGGAGGACCACGATCTCCCTTATATGGTG 6900

Qy 6901 AATGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGAAGTGAGGAGGTGAGGAGACCAGTTAGAAAGCCAATAAGCAT 6960
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 6901 AATGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGAAGTGAGGAGGTGAGGAGACCAGTTAGAAAGCCAATAAGCAT 6960

Qy 6961 TTCCAGATGAGGAGAAAATAAGGAAGAGAGGAGAGGAGAGCCCCAGGTCTGAAATCCAATTGGAGATGG 7020
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 6961 TTCCAGATGAGGAGAAAATAAGGAAGAGAGGAGAGGAGAGCCCCAGGTCTGAAATCCAATTGGAGATGG 7020

Qy 7021 GTGAATGAGGAGAAAAATAAGGAAGAGAGAGAGAGGAAGATGGTGCCTAGGTTTGTGATGCCT 7080
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 7021 GTGAATGAGGAGAAAAATAAGGAAGAGAGAGAGAGGAAGATGGTGCCTAGGTTTGTGATGCCT 7080

Qy 7081 CTTTCCTGGGTCTCTGGTCTCTCTGTCTCCACGTACGTCTTAGCTGACG 7140
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 7081 CTTTCCTGGGTCTCTGGTCTCTCTGTCTCCACGTACGTCTTAGCTGACG 7140

Qy 7141 TGAGTGACACCGCAGCCTGCAGACTCACTGTGGAGGAGACAAAACTAGAGACTCAAAGA 7200
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Qy  8281  ACGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGGAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCATGAACGAACCCAGGAGG  8340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8281  ACGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGGAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCATGAACGAACCCAGGAGG  8340

Qy  8341  CAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTGCGCCACTGCACTCCAGCCTGGGCGACAGAGTGAGA  8400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8341  CAGAGCATCTCAGACACCACTACTCAGATAGTTTAGAGAAACAGTTTCAAACTCAATCTGACCG  8400

Qy  8401  CTCCATCTCAAAAATAAAAATAAAAATAAAAATGAAAAAAAAAGAAAGTGAAGTA  8460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8401  ACAGCTCAGAAGTTCTTCTTTAGGCATTAAATTTAGCAAAGATATCTCATCTCTCTT  8460

Qy  8461  TAGAGTATCTCATAGTTGTCAGTGATAGAGAAACAGTTTCAAACTCAGTCAATCTGACCG  8520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8461  TAAACCATTTCTTTTTCTTTTTGTGGTTAGAAAAGTATGTAGAAAAAAGTAAATGTGATTT  8520

Qy  8521  TTTGATACATCTCAGAACCACCACTACATTCAGTAGTTTAGATGCCTAGAATAAATAGAGAA  8580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8521  ACGCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAATGAATACAATTAAAGCTGTATTATTAGCCAG  8580

Qy  8581  GGAAGGAGGATGGCTCTTCTTCTGTCTCATTGTGTTCTTCTGAGTGAGCTTGAATCACAT  8640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8581  TGAAAAACTATTAACAACTGTCTATTACCTGTAGTATTATTGTGCATTAAAAATGCA  8640

Qy  8641  GAAGGGGAACAGCAGAAAAACAACCAACTAGTCCTCTGCTCCTCGTTGCTTCTTTGGCATTCA  8700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8641  TATACTTTAATAAATGTATATTGTATACTGCATGATTTTATTGAAGTTCTTGTTC  8700

Qy  8701  CCTGAAGGAAGGTCCTGGAATGTGACTCCCTTGCTCCTCGTTGCTTCTTTGGCATTCA  8760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8701  ATCTTGTGTATATACTTAATCGCTTGTCATTTGGAGACATTTATTTTGCTTCTAATTT  8760

Qy  8761  TTTCTTTTGGACCCTACGCAAGGACTGTAATTGGTGGGGACAGCTAGTGGCCCTGCTGGGC  8820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8761  CTTTACATTTGTCTTACGGAATATTTTCATTCAACTGTGGTAGCCGAATTAATCGTGTT  8820

Qy  8821  TTCACACACGGTGTCCTCCCTGGGACTCAGAACTCTGGTGGTATTTC  8880
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8821  TCTTCACTCTAGGGACATTGTCGTCTAAGTTGTAAAGACATTGGTTATTTTACCAGCAAAC  8880

Qy  8881  CCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCTCATTTTGAGATCTGTATAATGGAAGCCACCAAGTG  8940
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8881  CATTCTGAAAGCATATGACAAATTATTTCTCTCTTAATATCTTTACTATACTGAAAGCCAGA  8940

Qy  8941  GCTTAGAGGATGCCCAGGTCCTTCCATGGAGCCACTGGGGGTTCCGGTGCACATTAAAAA  9000
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8941  CTGCTATAAGGCTTCACTTACTCTTCACCTTCATAAGGAATATGTTACAATTAATTTATT  9000

Qy  9001  AAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTCTCGGGAAATCAGTTCACCATGTTCA  9060
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9001  AGGTAAGCAGCATTTGTTTTTATATTGGTTTTATTTCACCTGGGCGTGAGATTTCAAGAAAACACC  9060

Qy  9061  AAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTTTTGAGACTCTATTCGCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCATGAT  9120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9061  CCAGTCTTCACAGTAACACATTTCACTAACACATTTCACTAACACATTCAGCAACTGTGCCCT  9120

Qy  9121  CTCGGCTCACTGTAACCTCTGCCTCCCGGGTTCAAGCGATTCTCCTGTCTCAGCCTCCCA  9180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9121  GTTAATTTTTTAATAGAAATTTAATAGAAATTTAAGTCCTCATTTTCTTTTCGGTGTTTTTTAAGCTTAA  9180

Qy  9181  AGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCATGCCCGGCTAATTTTTGTATTTTTAGTAGA  9240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9181  CATTTTAAATTCTTATTCATAAATTCTTATTCATAAATTCTTAAGTCAAAACCATGTCAAACCATGGCAAAATTGAAAGA  9240

Qy  9241  GACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCCTGACCTCGTGATCCCGCC  9300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9241  CATTTAAATTCTTATTCATAAATTCTTATTCATAAATTCTTAAGTCAAAACCATGTCAAACCATGGCAAAATTGAAAGA  9300

Qy  9301  TGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGGGATTACAGGCGTGAGCCACCGCCGCCCAGCCGTCAAA  9360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9301  TGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGTGTGAGCCACCGCCGCCCAGCCGTCAAA  9360
```

```
Qy  9361  AGAGTCTTAATATATATATCCAGATGGCATGTGTTACTTTATGTTACTACTACATGACTTG  9420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9361  AGAGTCTTAATATATATATCCAGATGGCATGTGTTACTTTATGTTACTACTACATGACTTG  9420

Qy  9421  GCTGCATAAATGTGGTACAAGCCATTCGTCTTCTTCGAAGGGCAGTGCTTCAGGATACCCATAT  9480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9421  GCTGCATAAATGTGGTACAAGCCATTCGTCTTCTTCGAAGGGCAGTGCTTCAGGATACCCATAT  9480

Qy  9481  ACAGCTCAGAAGTTCTTCTTTAGGCATTAAATTTAGCAAAGATATCTCATCTCTCTT  9540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9481  ACAGCTCAGAAGTTCTTCTTTAGGCATTAAATTTAGCAAAGATATCTCATCTCTCTT  9540

Qy  9541  TTAAACCATTTCTTTTTCTTTTTGTGGTTAGAAAAGTATGTAGAAAAAAGTAAATGTGATTT  9600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9541  TTAAACCATTTCTTTTTCTTTTTGTGGTTAGAAAAGTATGTAGAAAAAAGTAAATGTGATTT  9600

Qy  9601  ACGCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAATGAATACAATTAAAGCTGTATTATTAGCCAG  9660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9601  ACGCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAATGAATACAATTAAAGCTGTATTATTAGCCAG  9660

Qy  9661  TGAAAAACTATTAACAACTGTCTATTACCTGTAGTATTATTGTGCATTAAAAATGCA  9720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9661  TGAAAAACTATTAACAACTGTCTATTACCTGTAGTATTATTGTGCATTAAAAAATGCA  9720

Qy  9721  TATACTTTAATAAATGTATATTGTATACTGCATGATTTTATTGAAGTTCTTGTTC  9780
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9721  TATACTTTAATAAATGTATATTGTATACTGCGTGATTTTATTGAAGTTCTTGTTC  9780

Qy  9781  ATCTTGTGTATATACTTAATCGCTTGTCATTTGGAGACATTTATTTTGCTTCTAATTT  9840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9781  ATCTTGTGTATATACTTAATCGCTTGTCATTTGGAGACATTTATTTTGCTTCTAATTT  9840

Qy  9841  CTTTACATTTGTCTTACGGAATATTTTCATTCAACTGTGGTAGCCGAATTAATCGTGTT  9900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9841  CTTTACATTTGTCTTACGGAATATTTTCATTCAACTGTGGTAGCCGAATTAATCGTGTT  9900

Qy  9901  TCTTCACTCTAGGGACATTGTCGTCTAAGTTGTAAAGACATTGGTTATTTTACCAGCAAAC  9960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9901  TCTTCACTCTAGGGACATTGTCGTCTAAGTTGTAAAGACATTGGTTATTTTACCAGCAAAC  9960

Qy  9961  CATTCTGAAAGCATATGACAAATTATTTCTCTCTTAATATCTTTACTATACTGAAAGCCAGA  10020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9961  CATTCTGAAAGCATATGACAAATTATTTCTCTCTTAATATCTTTACTATACTGAAAGCCAGA  10020

Qy  10021  CTGCTATAAGGCTTCACTTACTCTTCACCTTCATAAGGAATATGTTACAATTAATTTATT  10080
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10021  CTGCTATAAGGCTTCACTTACTCTTCACCTTCATAAGGAATATGTTACAATTAATTTATT  10080

Qy  10081  AGGTAAGCAGCATTTGTTTTTATATTGGTTTTATTTCACCTGGGCGTGAGATTTCAAGAAAACACC  10140
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10081  AGGTAAGCAGCATTTGTTTTTATATTGGTTTTATTTCACCTGGGCGTGAGATTTCAAGAAAACACC  10140

Qy  10141  CCAGTCTTCACAGTAACACATTTCACTAACACATTTCACTAACACATTCAGCAACTGTGCCCT  10200
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10141  CCAGTCTTCACAGTAACACATTTCACTAACACATTTCACTAACACATTCAGCAACTGTGCCCT  10200

Qy  10201  GTTAATTTTTTAATAGAAATTTAATAGAAATTTAAGTCCTCATTTTCTTTTCGGTGTTTTTTAAGCTTAA  10260
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10201  GTTAATTTTTTAATAGAAATTTAATAGAAATTTAAGTCCTCATTTTCTTTTCGGTGTTTTTTAAGCTTAA  10260

Qy  10261  CATTTAAATTCTTATTCATAAATTCTTATTCATAAATTCTTAAGTCAAAACCATGTCAAACCATGGCAAAATTGAAAGACCTG  10320
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10261  CATTTAAATTCTTATTCATAAATTCTTATTCATAAATTCTTAAGTCAAAACCATGTCAAACCATGGCAAAATTGAAAGACCTG  10320

Qy  10321  GGGTGACACCTGGTGGCCATAGGTAAATGTACCACGGTGTCCGGTGACCAGGATGCAG  10380
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10321  GGGTGACACCTGGTGGCCATAGGTAAATGTACCACGGTGTCCGGTGACCAGGATGCAG  10380

Qy  10441  CGCTGAGGGTTTCCTGAAGGTAAAGGAATAAAAGAATGGGTGGAGGGGCCGTCACTCGGAA  10500
```

```
Db  10441  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
           CGCTGAGGGTTTCCTGAAGGTAAAGGATAAAGAATGGGTGGAGGGGCCGTGCACTGGAA  10500

Qy  10501  ATCACTTGTAGAGAAAAGCCCCTGAAAATTTGAGAAAAACAAACAAGAAACTACTTACCAG  10560
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10501  ATCACTTGTAGAGAAAAGCCCCTGAAAATTTGAGAAAAACAAACAAGAAACTACTTACCAG  10560

Qy  10561  CTATTTGAATTGCTGGAATCACAGGCCATTGCTGAGCTGCCTGAACTGGGAACACAACAG  10620
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10561  CTATTTGAATTGCTGGAATCACAGGCCATTGCTGAGCTGCCTGAACTGGGAACACAACAG  10620

Qy  10621  AAGGAAAACAAACCACTCTGATAATCATTGAGTCAGGTACAGCAGGTGATTGAGGACTGC  10680
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10621  AAGGAAAACAAACCACTCTGATAATCATTGAGTCAGGTACAGCAGGTGATTGAGGACTGC  10680

Qy  10681  TGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTTATGTTGTATTATAATAATGTCATCTTATAATACTGT  10740
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10681  TGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTTATGTTGTATTATAATAATGTCATCTTATAATACTGT  10740

Qy  10741  CAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTCACACACATTTAAAAACAAAACACTGTCTC  10800
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10741  CAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTCACACACATTTAAAAACAAAACACTGTCTC  10800

Qy  10801  TAAAATCCCCAAATTTTCATAAAC  10825
           ||||||||||||||||||||||||
Db  10801  TAAAATCCCCAAATTTTCATAAAC  10825
```

RESULT   2
US-08-834-497A-3
; Sequence 3, Application US/08834497A
; Patent No. 6140305
; GENERAL INFORMATION:
; 　APPLICANT: Thomas, Winston J.
; 　APPLICANT: Drayna, Dennis T.
; 　APPLICANT: Feder, John N.
; 　APPLICANT: Gnirke, Andreas
; 　APPLICANT: Ruddy, David
; 　APPLICANT: Tsuchihashi, Zenta
; 　APPLICANT: Wolff, Roger K.
; 　TITLE OF INVENTION: HEREDITARY HEMOCHROMATOSIS GENE PRODUCTS
; 　NUMBER OF SEQUENCES: 76
; 　CORRESPONDENCE ADDRESS:
; 　ADDRESSEE: Pennie & Edmonds LLP
; 　STREET: 1155 Avenue of the Americas
; 　CITY: New York
; 　STATE: New York
; 　COUNTRY: USA
; 　ZIP: 10036-2811
; 　COMPUTER READABLE FORM:
; 　MEDIUM TYPE: Floppy disk
; 　COMPUTER: IBM PC compatible
; 　OPERATING SYSTEM: Windows 95
; 　SOFTWARE: FastSEQ for Windows Version 2.0b
; 　CURRENT APPLICATION DATA:
; 　APPLICATION NUMBER: US/08/834,497A
; 　FILING DATE: 04-APR-1997
; 　CLASSIFICATION: 514
; 　PRIOR APPLICATION DATA:
; 　APPLICATION NUMBER: US 08/652,265
; 　FILING DATE: 23-MAY-1996
; 　CLASSIFICATION: 514
; 　PRIOR APPLICATION DATA:
; 　APPLICATION NUMBER: US 08/632,673
; 　FILING DATE: 16-APR-1996
; 　CLASSIFICATION: 514
; 　PRIOR APPLICATION DATA:
; 　APPLICATION NUMBER: US 08/630,912
; 　FILING DATE: 04-APR-1996
; 　CLASSIFICATION: 514
; 　ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
; 　NAME: Poissant, Brian M.
; 　REGISTRATION NUMBER: 28,462

; 　REFERENCE/DOCKET NUMBER: 8907-0056-999
; 　TELECOMMUNICATION INFORMATION:
; 　TELEPHONE: 650-493-4935
; 　TELEFAX: 650-493-5556
; 　TELEX: 66141 PENNIE
; INFORMATION FOR SEQ ID NO: 3:
; 　SEQUENCE CHARACTERISTICS:
; 　LENGTH: 10825 base pairs
; 　TYPE: nucleic acid
; 　STRANDEDNESS: single
; 　TOPOLOGY: linear
; MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
; FEATURE:
; 　NAME/KEY: CDS
; 　LOCATION: join(361..436, 3762..4025, 4235..4510, 5606..5881,
; 　LOCATION: 6040..6153, 7107..7147)
; 　OTHER INFORMATION: /product= "Hereditary Hemochromatosis
; 　OTHER INFORMATION: mutation"
; 　OTHER INFORMATION: /note= "Hereditary Hemochromatosis (HH)
; 　OTHER INFORMATION: gene 24d1 allele"
; FEATURE:
; 　NAME/KEY: -
; 　LOCATION: 140..7319
; 　OTHER INFORMATION: /note= "start and stop positions for
; 　OTHER INFORMATION: 24d1 allele cDNA (SEQ ID NO:10)"
; FEATURE:
; 　NAME/KEY: -
; 　LOCATION: 3852..3891
; 　OTHER INFORMATION: /note= "start and stop positions for
; 　OTHER INFORMATION: genomic sequence surrounding variant
; 　OTHER INFORMATION: for 24d2(C) allele (SEQ ID NO:41)"
; FEATURE:
; 　NAME/KEY: -
; 　LOCATION: 5507..6023
; 　OTHER INFORMATION: /note= "start and stop positions for
; 　OTHER INFORMATION: genomic sequence surrounding variant
; 　OTHER INFORMATION: for 24d1(A) allele (SEQ ID NO:21)"
; FEATURE:
; 　NAME/KEY: allele
; 　LOCATION: replace(5834, "a")
; 　OTHER INFORMATION: /phenotype= "Hereditary Hemochromatosis"
; 　OTHER INFORMATION: /label= 24d1
US-08-834-497A-3

Query Match   100.0%; Score 10825; DB 4; Length 10825;
Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 0;
Matches 10825; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;

```
Qy    1  TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTAAATGTATGATTGAATTTGAAAATCATAAATATTTA  60
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1  TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTAAATGTATGATTGAATTTGAAAATCATAAATATTTA  60

Qy   61  AATATCTAAAGTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTTCCCCAATCAACAACACCCCT  120
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   61  AATATCTAAAGTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTTCCCCAATCAACAACACCCCT  120

Qy  121  TCAGGATTTAAAAACCAAGGGGACACTGGATCACCTAGTGTTTCACAAGCAGGTACCTT  180
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  121  TCAGGATTTAAAAACCAAGGGGACACTGGATCACCTAGTGTTTCACAAGCAGGTACCTT  180

Qy  181  CTGCTGTGAGGAGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGGTTTGCTTTTCACCAGGAAGTT  240
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  181  CTGCTGTGAGGAGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGGTTTGCTTTTCACCAGGAAGTT  240

Qy  241  TTACTGGGCATCTCCTGAGCCTAGGCAATAGCTGTAGGGTGACTTCTGGAGCCATCCCCG  300
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  241  TTACTGGGCATCTCCTGAGCCTAGGCAATAGCTGTAGGGTGACTTCTGGAGCCATCCCCG  300

Qy  301  TTTCCCCGCCCCCAAAGAGAGCGGAGATTAACGGGCACGGACCTGCGCCCAGCTGGGGAA  360
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

us-09-497-957-3.rni

```
Db   301 TTTCCCGCCCCCAAAAGAAGCGGAGATTTAACGGGGACGTGCGGCCGAGCTGGGGAA 360

Qy   361 ATGGGCCCGCGAGCCAGGCCGGCCGGGCGGCCGTTCTCCTCCTGATGCTTTGCAGACCGCGGTCCTG 420
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   361 ATGGGCCCGCGAGCCAGGCCGGCCGGGCGGCCGTTCTCCTCCTGATGCTTTGCAGACCGCGGTCCTG 420

Qy   421 CAGGGCGGCTTGCTGCGTGCGTGCGTTCCGCAGGGCTCGGGGCGCTAGGGGCGCGGCCGGGGGTG 480
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   421 CAGGGCGGCTTGCTGCGTGCGTGCGTTCCGCAGGGCTCGGGGCGCTAGGGGCGCGGCCGGGGGTG 480

Qy   481 GAAAAATCGAAACGAAACTAGCTTTTCTTTCGCCTTGGGAGTTTGCTAACTTGGAGGACCTGC 540
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   481 GAAAAATCGAAACGAAACTAGCTTTTCTTTCGCCTTGGGAGTTTGCTAACTTGGAGGACCTGC 540

Qy   541 TCAACCCTATCCGAAGCCCCTCCTACTTTCTGCGTCCAGACCCCGTGAGGGAGTGC 600
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   541 TCAACCCTATCCGAAGCCCCTCCTACTTTCTGCGTCCAGACCCCGTGAGGGAGTGC 600

Qy   601 CTACCACTGAACTGCAGATAGGGGTGACTTTTGGAACCGCCCACTCCCTCCCCCAACTAGAGAATGCTTT 660
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   601 CTACCACTGAACTGCAGATAGGGGTGACTTTTGGAACCGCCCACTCCCTCCCCCAACTAGAGAATGCTGT 660

Qy   661 CCCGGCTGCTGCGGAGTGACTTTTGGAACCGCCGAGCTGAGCTAAGCCTGGGCTTCCTGAACCTGG 720
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   661 CCCGGCTGCTGCGGAGTGACTTTTGGAACCGCCGAGCTGAGCTAAGCCTGGGCTTCCTGAACCTGG 720

Qy   721 TAAATAAATCTCGTAGTTCCTCACTTGAGCTGAGCTAAGCCTGGGCTTCCTGAACCTGG 780
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   721 TAAATAAATCTCGTAGTTCCTCACTTGAGCTGAGCTAAGCCTGGGCTTCCTGAACCTGG 780

Qy   781 AACTCGGGTTTATTTCCAATGCTGTGCAGTTTTTCCCCAGTCATCTCCAAACAGG 840
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   781 AACTCGGGTTTATTTCCAATGCTGTGCAGTTTTTCCCCAGTCATCTCCAAACAGG 840

Qy   841 AAGTTCTTCCCTGAGTGCTTGCCGAGAGGCTGAGCCCACAACCCACAGACAGGATCCGCACGG 900
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   841 AAGTTCTTCCCTGAGTGCTTGCCGAGAGGCTGAGCCCACAACCCACAGACAGGATCCGCACGG 900

Qy   901 GGTTTCCCACCTCCAGAAACGAATGCGTTGGGCGGTGGGGCGCGAAAGAGTGGCGTTGGGGA 960
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   901 GGTTTCCCACCTCCAGAAACGAATGCGTTGGGCGGTGGGGCGCGAAAGAGTGGCGTTGGGGA 960

Qy   961 TCTGAATTCTTCACCCATTCCACCCACTTTTGGTGAGACCTGGGGTGGAGGTCTCTAGGGT 1020
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   961 TCTGAATTCTTCACCCATTCCACCCACTTTTGGTGAGACCTGGGGTGGAGGTCTCTAGGGT 1020

Qy  1021 GGGAGGCTCCTGAGAGAGGCCTACCTCGGGCCCTTCCCCACTCTTGGCAATTGTTCTTTT 1080
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1021 GGGAGGCTCCTGAGAGAGGCCTACCTCGGGCCCTTCCCCACTCTTGGCAATTGTTCTTTT 1080

Qy  1081 GCCTGGAAAATTAGTTATGTGTAGTTTGAACGTTTGAACTGAACAATTCTCTTTTCGG 1140
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1081 GCCTGGAAAATTAGTTATGTGTAGTTTGAACGTTTGAACTGAACAATTCTCTTTTCGG 1140

Qy  1141 CTAGGCTTTATTGATTTGCAATGCTGTGTAATTAAGAGGCCTCTCTACAAAGTACTGA 1200
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1141 CTAGGCTTTATTGATTTGCAATGCTGTGTAATTAAGAGGCCTCTCTACAAAGTACTGA 1200

Qy  1201 TAATGAACATGTAAGCAATGGGAGGAGTAGGAGCTAATAATACGTTTATTTACTAGAAGTTAACT 1260
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1201 TAATGAACATGTAAGCAATGGGAGGAGTAGGAGCTAATAATACGTTTATTTACTAGAAGTTAACT 1260

Qy  1261 TTTTCACTAGGCATAGGGAGGTAGTATGTAGTTTATTTTTATTTACTAGAAGTTAACT 1320
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1261 TTTTCACTAGGCATAGGGAGGTAGTATGTAGTTTATTTTTATTTACTAGAAGTTAACT 1320

Qy  1321 GGAATTCAGATTATATAACTCTTTTCAGGTTACAAAGAACATAAATAATCTGGTTTTCTG 1380
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1321 GGAATTCAGATTATATAACTCTTTTCAGGTTACAAAGAACATAAATAATCTGGTTTTCTG 1380

Qy  1381 ATGTTATTTCAAGTACTACAGCTGCTTCTAATCTTAGTTGACAGTGATTTTGCCCTGTAG 1440
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1381 ATGTTATTTCAAGTACTACAGCTGCTTCTAATCTTAGTTGACAGTGATTTTGCCCTGTAG 1440
```

```
Db  1441 TGTAGCACAGTGTTCTGTGGGTCACACGCGGCCTCAGCAGCACACTTTGAGTTTTGGTA 1500

Qy  1441 TGTAGCACAGTGTTCTGTGGGTCACACGCGGCCTCAGCAGCACTTTGAGTTTTGGTA 1500
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1441 TGTAGCACAGTGTTCTGTGGGTCACACGCGGCCTCAGCAGCACACTTTGAGTTTTGGTA 1500

Qy  1501 CTACGTGTATCCACATTTACACATGACAAGAATGAGGCACGGCACGGCCTGCTTCCTGG 1560
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1501 CTACGTGTATCCACATTTACACATGACAAGAATGAGGCACGGCACGGCCTGCTTCCTGG 1560

Qy  1561 CAAATTTATTCAATGGTACACTGGGCTTGGTGGCAGAGCTCATGTCTCCACTTCATAGC 1620
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1561 CAAATTTATTCAATGGTACACTGGGCTTGGTGGCAGAGCTCATGTCTCCACTTCATAGC 1620

Qy  1621 TATGATTCTTAAACATCACACTGCATTAGAGGTTGAATAATAAAATTCATGTTGAGCAG 1680
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1621 TATGATTCTTAAACATCACACTGCATTAGAGGTTGAATAATAAAATTCATGTTGAGCAG 1680

Qy  1681 AAATATTCATTGTTACAAGTGTAAATGAGTCCAGCCATGTGTTGCACTGTTCAAGCCC 1740
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1681 AAATATTCATTGTTACAAGTGTAAATGAGTCCAGCCATGTGTTGCACTGTTCAAGCCC 1740

Qy  1741 CAAGGGAGAGAGCAGGAGGAAACAAGTCTTTACCCTTTGATTATTTCAGTTGGGAGA 1800
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1741 CAAGGGAGAGAGCAGGAGGAAACAAGTCTTTACCCTTTGATATTTTCAGTTGGGAGA 1800

Qy  1801 GATGACAATAAGCAAATGAGCAGAGATATACAACATCAGGAAATCATGGGTGTTGTGA 1860
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1801 GATGACAATAAGCAAATGAGCAGAGATATACAACATCAGGAAATCATGGGTGTTGTGA 1860

Qy  1861 GAAGCAGAGAAGTCAGGCGCAAGTCACTCTGGGGCTGAGACACTTGAGCAGACATGAAGGA 1920
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1861 GAAGCAGAGAAGTCAGGCGCAAGTCACTCTGGGGCTGAGACACTTGAGCAGACATGAAGGA 1920

Qy  1921 AATAAGAATGATATTGACTGGAGCAGTATTTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCCTGCAAG 1980
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1921 AATAAGAATGATATTGACTGGAGCAGTATTTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCCTGCAAG 1980

Qy  1981 TTGGATTAAAAAGGCGGTTTTCAGCACTACTCATCGTCATGTGTGTGTCAGCAGTATCCTGT 2040
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1981 TTGGATTAAAAAGGCGGTTTTCAGCACTACTCATCGTCATGTGTGTGTCAGCAGTATCCTGT 2040

Qy  2041 CGGCGTGGGGGGTGGGAAGGGCGTTGGTGAGGTGTCTAGCAGTATCCTGT 2100
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2041 CGGCGTGGGGGGTGGGAAGGGCGTTGGTGAGGTGTCTAGCAGTATCCTGT 2100

Qy  2101 CCTCCCTACTCACTAGGTGCTAGGAGCACTCCCCAGTCTTGACAACCAAAAATGTCTCT 2160
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2101 CCTCCCTACTCACTAGGTGCTAGGAGCACTCCCCAGTCTTGACAACCAAAAATGTCTCT 2160

Qy  2161 AAACTTTGCCACATGTCACCTAGTAGACAAACTCCTGGTTAAGAAGTCGGGTTGAAAAA 2220
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2161 AAACTTTGCCACATGTCACCTAGTAGACAAACTCCTGGTTAAGAAGTCGGGTTGAAAAA 2220

Qy  2221 AATAAACAAGTAGTGCTGGGAGTAGGGCCAAGAAGTAATGGGCTCAGAGAGGA 2280
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2221 AATAAACAAGTAGTGCTGGGAGTAGGGCCAAGAAGTAATGGGCTCAGAGAGGA 2280

Qy  2281 GCCACAAACAAGTTGTGCAGGCGCCGTGTAGGCTGTGGTGTGAATTCTAGCCAAGGAGTA 2340
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2281 GCCACAAACAAGTTGTGCAGGCGCCGTGTAGGCTGTGGTGTGAATTCTAGCCAAGGAGTA 2340

Qy  2341 ACAGTGATCTGTCACAGGCTTTTAAAAGATTGCTCTGCTGCTATGTGGAAAGCAGAATG 2400
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2341 ACAGTGATCTGTCACAGGCTTTTAAAAGATTGCTCTGCTGCTATGTGGAAAGCAGAATG 2400

Qy  2401 AAGGGAGCAACAACAGTAAAAGCAGGGAGCCCAGCCCAGTCGTTACACAGTGTCCAGGCAAG 2460
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2401 AAGGGAGCAACAACAGTAAAAGCAGGGAGCCCAGCCCAGTCGTTACACAGTGTCCAGGCAAG 2460

Qy  2461 AGTAGTGGAGTTGGGCTTGGGTCGGTGGGGAACAGAGAAAAGGAGTGACAAACCATTGTCTCCTGAA 2520
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2461 AGTAGTGGAGTTGGGCTTGGGTCGGTGGGGAACAGAGAAAAGGAGTGACAAACCATTGTCTCCTGAA 2520
```

```
Qy  2521 TATATTCTGAAGGAAGTTGCTGAAGGATTCTATGTTGTGTGAGAGAAAGAGAAGAATTGG 2580
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2521 TATATTCTGAAGGAAGTTGCTGAAGGATTCTATGTTGTGTGAGAGAAAGAGAAGAATTGG 2580

Qy  2581 CTGGGTGTAGTAGCTCATGCCATGGAGGAGGCAGATTCCTGAGCTCAGGA 2640
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2581 CTGGGTGTAGTAGCTCATGCCATGGAGGAGGCAGATTCCTGAGCTCAGGA 2640

Qy  2641 GTTCAAGACCAGCCAGCACACAGCAAACCCCTTCCTAGAAAAAATACAAAAAATTA 2700
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2641 GTTCAAGACCAGCCAGCACACAGCAAACCCCTTCCTAGAAAAAATACAAAAAATTA 2700

Qy  2701 GCTGGGTGGTGGTGGCATGCACCTGTAATCCCAGCTACTCGGGAGGCTGAGGTGAGGTA 2760
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2701 GCTGGGTGGTGGTGGCATGCACCTGTAATCCCAGCTACTCGGGAGGCTGAGGTGAGGTA 2760

Qy  2761 TTGCTTGAGCCCAGGAGTTGAGGCTGCAGTGAGCCATGACGTGTCCCACTGTACTTCAGC 2820
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2761 TTGCTTGAGCCCAGGAGTTGAGGCTGCAGTGAGCCATGACGTGTCCCACTGTACTTCAGC 2820

Qy  2821 CTAGGTGACAGAGCAAGACCCTGTCTCCCCTGAAAAAGAGAAGAGTTAAAGT 2880
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2821 CTAGGTGACAGAGCAAGACCCTGTCTCCCCTGAAAAAGAGAAGAGTTAAAGT 2880

Qy  2881 TGACTTTGTCTTTATTTTATTTGGCTGAGCAGTGGGTAATTGGCAATGCCAT 2940
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2881 TGACTTTGTCTTTATTTTATTTGGCTGAGCAGTGGGTAATTGGCAATGCCAT 2940

Qy  2941 TTCTGAGATGGTGAAGGCAGAGAGCAGTTTGGGTAAATCAAGGATCTGCATTTG 3000
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2941 TTCTGAGATGGTGAAGGCAGAGAGCAGTTTGGGTAAATCAAGGATCTGCATTTG 3000

Qy  3001 GGACATGTTAAGTTGAGATTCCAAGTCAGGCTTCCAAGTGGTGAGGCCACATAGGCAGTT 3060
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3001 GGACATGTTAAGTTGAGATTCCAAGTCAGGCTTCCAAGTGGTGAGGCCACATAGGCAGTT 3060

Qy  3061 CAGTGTAAGGAATTCAGGACCAAGGCTGGCCACTTCTGTAATCCCAGCACT 3120
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3061 CAGTGTAAGGAATTCAGGACCAAGGCTGGCCACTTCTGTAATCCCAGCACT 3120

Qy  3121 TTGGTGGCTGAGGCAGGCAGATCATTGAGGTCAGGAGTTGAGACAAGCCTGGCCAACA 3180
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3121 TTGGTGGCTGAGGCAGGCAGATCATTGAGGTCAGGAGTTGAGACAAGCCTGGCCAACA 3180

Qy  3181 TGGTGAAACCCCATGTCTACTAAAAATACAAAAATTAGCCGGGCGTGGTGGCGCCACGCCT 3240
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3181 TGGTGAAACCCCATGTCTACTAAAAATACAAAAATTAGCCGGGCGTGGTGGCGCCACGCCT 3240

Qy  3241 ATAGTCCCAGGTTTCAGGAGGCTTAGGCAGGAGAATCCCTTGAACCCAGGAGGTGCAGG 3300
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3241 ATAGTCCCAGGTTTCAGGAGGCTTAGGCAGGAGAATCCCTTGAACCCAGGAGGTGCAGG 3300

Qy  3301 TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGATAGAGTGAGACTCTGT 3360
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3301 TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGATAGAGTGAGACTCTGT 3360

Qy  3361 CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATTTGGG 3420
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3361 CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATTTGGG 3420

Qy  3421 TCTAATTTGCCCTGAGCACCAACCTCCTGAGTTCAACTACCATGGCTAGACACACCTTAAC 3480
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3421 TCTAATTTGCCCTGAGCACCAACCTCCTGAGTTCAACTACCATGGCTAGACACACCTTAAC 3480

Qy  3481 ATTTTCTAGAATCCACCAGCTTTAGTGGAGTCTGTCTAATCATGAGTATTGGAATAGGAT 3540
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3481 ATTTTCTAGAATCCACCAGCTTTAGTGGAGTCTGTCTAATCATGAGTATTGGAATAGGAT 3540

Qy  3541 CTGGGGCAGTGAGGGGGTGGCAGCCACGTGGGCAGAGAAAAGCCACACCAAGGAAAGAGC 3600
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3541 CTGGGGCAGTGAGGGGGTGGCAGCCACGTGGGCAGAGAAAAGCCACACCAAGGAAAGAGC 3600

Qy  3601 ACCCAGGACTGTCATATGGAAGAAAGAGACAGGACTGCAACTCACCCTTCACCAAAATGAGGA 3660
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3601 ACCCAGGACTGTCATATGGAAGAAAGAGACAGGACTGCAACTCACCCTTCACCAAAATGAGGA 3660

Qy  3661 CCAGACACAGCTGATGGTATGGATGTTGATGCAGGTGTGTGAGCGCCTCAACATCCTGCTCCC 3720
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3661 CCAGACACAGCTGATGGTATGGATGTTGATGCAGGTGTGTGAGCGCCTCAACATCCTGCTCCC 3720

Qy  3721 CTCCTACTACACATGGTTAAGGCCTGTTGCTCTGCTCTGTCCCAGGTTCACACTCTCTGCACTA 3780
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3721 CTCCTACTACACATGGTTAAGGCCTGTTGCTCTGCTCTGTCCCAGGTTCACACTCTCTGCACTA 3780

Qy  3781 CCTCTTCATGGGTGCCTCAGAGCCAGGAGACCTTGGTCTTCCTTGTTGAAGCTTTGGGCTA 3840
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3781 CCTCTTCATGGGTGCCTCAGAGCCAGGAGACCTTGGTCTTCCTTGTTGAAGCTTTGGGCTA 3840

Qy  3841 CGTGGATGACCAGCTGTTCGTGTCTCATGATCATGAGAGTGCGCCGTGTGGAGCCCCGAAC 3900
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3841 CGTGGATGACCAGCTGTTCGTGTCTCATGATCATGAGAGTGCGCCGTGTGGAGCCCCGAAC 3900

Qy  3901 TCCATGGGTTCCAGTAGAATTCAAGCCAGATGGTGGCTGCAGCTGAGTCAGAGTCTGAA 3960
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3901 TCCATGGGTTCCAGTAGAATTCAAGCCAGATGGTGGCTGCAGCTGAGTCAGAGTCTGAA 3960

Qy  3961 AGGGTGGGATCACATGTCACTGTTGACTTCACTGTTGGGACTATATGGAAAATCACAACCACAG 4020
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3961 AGGGTGGGATCACATGTCACTGTTGACTTCACTGTTGGGACTATATGGAAAATCACAACCACAG 4020

Qy  4021 CAAGGGTATGTGGAGAGGGGGCCTCACCTTCCTGAGCTTGTCAGAGCTTTTCATCTTTTC 4080
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4021 CAAGGGTATGTGGAGAGGGGGCCTCACCTTCCTGAGCTTGTCAGAGCTTTTCATCTTTTC 4080

Qy  4081 ATGCATCTTGAAGAAACAGCTGAAGTCTGAGTCTTTGTGTGGACCAGGAGAGGGAAG 4140
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4081 ATGCATCTTGAAGAAACAGCTGAAGTCTGAGTCTTTGTGTGGAGCAGGAGAGGGAAG 4140

Qy  4141 GAATTTGCTTCCTGAGATCATTGGTCTCCTGGGGATGGTGAAAATAGGGACCTATTCCTT 4200
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4141 GAATTTGCTTCCTGAGATCATTGGTCTCCTGGGGATGGTGAAAATAGGGACCTATTCCTT 4200

Qy  4201 TGGTTGCAGTTAACAAGGCTGGGGATTTTTCCAGAGTCCCGCAGGTCATCCTG 4260
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4201 TGGTTGCAGTTAACAAGGCTGGGGATTTTTCCAGAGTCCCGCAGGTCATCCTG 4260

Qy  4261 GGCTGTGAAATGCAAGAGACAACACAGTACCGGGTACTGGAAGTACCGGTATGATGGG 4320
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4261 GGCTGTGAAATGCAAGAGACAACACAGTACCGGGTACTGGAAGTACCGGTATGATGGG 4320

Qy  4321 CAGGACCACCTTGAATTGTGCCCTGGAGTGGGAAAAGGCACAAGAATTCGGGCTGCTGAGG 4380
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4321 CAGGACCACCTTGAATTGTGCCCTGGAGTGGGAAAAGGCACAAGAATTCGGGCTGCTGAGG 4380

Qy  4381 TGGCCCACCAAGCTTGCAGTTGGGAAAAGCCACAACACTTCTGCCCCTATACTCTAGTGGCAGAGTGGGAG 4440
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4381 TGGCCCACCAAGCTTGCAGTTGGGAAAAGCCACAACACTTCTGCCCCTATACTCTAGTGGCAGAGTGGGAG 4440

Qy  4441 CTGGAGGGGACTGCCCTGCCCCTGCACAGCAGTTGCTCAGTGCTGCTGCCCTATACTCTCAGTGGCGAGTGGGTTTTG 4500
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4441 CTGGAGGGGACTGCCCTGCCCCTGCACAGCAGTTGCTCAGTGCTGCTGCCCTATACTCTCAGTGGCGAGTGGGTTTTG 4500

Qy  4501 GACCAACAAGGTATGGTGAAACACACTTCTGCCCCTATACTCTCAGTGGTGGAGG 4560
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4501 GACCAACAAGGTATGGTGAAACACACTTCTGCCCCTATACTCTCAGTGGTGGAGG 4560

Qy  4561 AGGTTGCAGGGCACGGAATCCCTGGTTGCTGTTCAGAGGTTGCTGTGCCTC 4620
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4561 AGGTTGCAGGGCACGGAATCCCTGGTTGCTGTTCAGAGGTTGCTGTGCCTC 4620

Qy  4621 TCCAAATTCTGGGAAGGGACTTTCTCAATCCTATAATTGAGATGTA 4680
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4621 TCCAAATTCTGGGAAGGGACTTTCTCAATCCTATAATTGAGATGTA 4680

Qy  4681 TGAGACAGCCACAAGTCATGGGTTAATTTCTTTTTCCCATGCATATGGCTCAAAGGGAA 4740
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db   4681 TGAGACGCCACAAGTCATGGGTTAATTTCTTTTCTCCATGCATATGGCTCAAAGGGAA 4740

Qy   4741 GTGTCTATGGCCCTTGCTTTTTATTTAAACCAATAATCTTTTGTATATTTATACCTGTTAA 4800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4741 GTGTCTATGGCCCTTGCTTTTTATTTAAACCAATAATCTTTTGTATATTTATACCTGTTAA 4800

Qy   4801 AAATTCAGAAATGTCAAGGCGCGGCCACGCGGTGCCTCACCCCGTAATCCCAGCACTTTGGG 4860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4801 AAATTCAGAAATGTCAAGGCGCGGCCACGCGGTGCCTCACCCCGTAATCCCAGCACTTTGGG 4860

Qy   4861 AGGCCGAGGCGGGCGGTGGTCACAAGGTCAGGAGTTGAGACCAGCCTGACCAACATGGTGAA 4920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4861 AGGCCGAGGCGGGCGGTGGTCACAAGGTCAGGAGTTGAGACCAGCCTGACCAACATGGTGAA 4920

Qy   4921 ACCCGTCTCTAAAAAATACAAAAATTAGTCGGTCACAGTCATGCGCACTGTAGTCCCA 4980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4921 ACCCGTCTCTAAAAAATACAAAAATTAGTCGGTCACAGTCATGCGCACTGTAGTCCCA 4980

Qy   4981 GCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGAGCATCGCTTGAACCTGGGAAGCGGAAGTTGCACTGA 5040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4981 GCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGAGCATCGCTTGAACCTGGGAAGCGGAAGTTGCACTGA 5040

Qy   5041 GCCAAGATCGCGCCACTGCACTCCAGCCTGGGCAGCAGAGTGAGACTCCATCTTAAAAAA 5100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5041 GCCAAGATCGCGCCACTGCACTCCAGCCTGGGCAGCAGAGTGAGACTCCATCTTAAAAAA 5100

Qy   5101 AAAAAAAAAAAAAAGAGATTCAGAGATTCAGAGATCCATCATATGAATACCAGGACAAA 5160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5101 AAAAAAAAAAAAAAGAGATTCAGAGATTCAGAGATCCATCATATGAATACCAGGACAAA 5160

Qy   5161 ATATTCAAGTGAGGCCACTTATCTCAGAATGAAGAAATCCTTTAGGTTAAAAGTTTCTTTCAT 5220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5161 ATATTCAAGTGAGGCCACTTATCTCAGAATGAAGAAATCCTTTAGGTTAAAAGTTTCTTTCAT 5220

Qy   5221 AGAACATAGCAATAATCATCGAAGCTGACTTCCGATCTATCTTACAAGTCCGCTTCTATAACAATGC 5280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5221 AGAACATAGCAATAATCATCGAAGCTGACTTCCGATCTATCTTACAAGTCCGCTTCTATAACAATGC 5280

Qy   5281 CTCCTAGGTTGACCCAGGTGAAACTGACCATCTGTATTCAATCATTTCAATGCACATAA 5340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5281 CTCCTAGGTTGACCCAGGTGAAACTGACCATCTGTATTCAATCATTTCAATGCACATAA 5340

Qy   5341 AGGGCAATTTTATCTTATCAGAAGAACAAAGAACATGGCTAACAGGTATATTTCGTATGTG 5400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5341 AGGGCAATTTTATCTTATCAGAAGAACAAAGAACATGGCTAACAGGTATATTTCGTATGTG 5400

Qy   5401 AGGAGAACAAGCTGATCTGACTCTCCTCCAAGTGCCTCCTTGGTAGGTGACACTGTTAGG 5460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5401 AGGAGAACAAGCTGATCTGACTCTCCTCCAAGTGCCTCCTTGGTAGGTGACACTGTTAGG 5460

Qy   5461 ACACAAAATGGTGTCTTCTCCTGTAGCTTGTGTTTTTCTGAAAAGGGTATTTCCTTCCTCC 5520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5461 ACACAAAATGGTGTCTTCTCCTGTAGCTTGTGTTTTTCTGAAAAGGGTATTTCCTTCCTCC 5520

Qy   5521 AACCTATGCAGAAGAAGTGAAAGTCAGTTCCAGTTCCAGGTCAAGGGTAAACAGATCCCCTCTC 5580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5521 AACCTATGCAGAAGAAGTGAAAGTCAGTTCCAGTTCCAGGTCAAGGGTAAACAGATCCCCTCTC 5580

Qy   5581 CTCATCCTTCCTCTTTCCTGCTCAAGTGCCTCGGCCTGTGCAAGGTCAACACTACCCAGTGACC 5640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5581 CTCATCCTTCCTCTTTCCTGCTCAAGTGCCTCGGCCTGTGCAAGGTCAACACTACCCAGTGACC 5640

Qy   5641 TCTTCAGTTGACCACTCTACGGGTGTCGGGCTGTGACCTTAACCTACCCCAGAACATCACCATG 5700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5641 TCTTCAGTTGACCACTCTACGGGTGTCGGGCTGTGACCTTAACCTACCCCAGAACATCACCATG 5700

Qy   5701 AAGTGGCTGAAGAAGTAAGCAGCCAATGGATGCCAAGGAGTTCGAACCTAAAGACGTATTG 5760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5701 AAGTGGCTGAAGAAGTAAGCAGCCAATGGATGCCAAGGAGTTCGAACCTAAAGACGTATTG 5760

Qy   5761 CCCAATGGGGATGGGGATCGGGCTGGATAACCTTGGCTGTACCCCGTACCCCCTGGGGAAGAG 5820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5761 TCACTGGGGTCATTGAAGGATCCATTGAAGGATCCCTGGAATAACCTTCCCTTATATGGTG 5820


Qy   5821 CAGAGATATACGTACCAGGTGGAGCACCCAGGCACCCAGGCCTGGATCAGCCCCTCATTGTGATCTGG 5880
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5821 CAGAGATATACGTACCAGGTGGAGCACCCAGGCACCCAGGCCTGGATCAGCCCCTCATTGTGATCTGG 5880

Qy   5881 GGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGTCTGAGAAAATCTATTGGGGTTGAGGAGGAGTGCC 5940
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5881 GGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGTCTGAGAAAATCTATTGGGGTTGAGGAGGAGTGGG 5940

Qy   5941 TGAGGAGGTAATTATGATGCAGTGAGTGAGGATGAGACCTGCTCTTCTTTGTTCTTTGTTAGGGGGTGGGCTGAGG 6000
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5941 TGAGGAGGTAATTATGGCAGTGAGTGAGGATGAGACCTGCTCTTCTTTGTTCTTTGTTAGGGGGTGGGCTGAGG 6000

Qy   6001 GTGGCAATCAAAGGCTTAACTTGCTTTCTTTTCGTTTTCGTTTTAGAGCCCTCACCGTCTGGCACCC 6060
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6001 GTGGCAATCAAAGGCTTAACTTGCTTTCTTTTCGTTTTCGTTTTAGAGCCCTCACCGTCTGGCACCC 6060

Qy   6061 TAGTCATTGGAGTCATCAGTGGAATTGCTGTGTTTTGTCGTCATCTCATCTTCTTGTTCATTGGAATTT 6120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6061 TAGTCATTGGAGTCATCAGTGGAATTGCTGTGTTTTCGTCATCTGTTCATCTTGTTCATTGGAATTT 6120

Qy   6121 TGTTCATAATATTAAGGAAGAGGCAGGGTCAAGTGAGTAGGAACAAGGGGAAGTGTCT 6180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6121 TGTTCATAATATTAAGGAAGAGGCAGGGTCAAGTGAGTAGGAACAAGGGGAAGTCTCT 6180

Qy   6181 TAGTACCTCTGCCCCAGGCACGTGGGAAGAGGGGCACGTGGGAAGAGGGGGAGGGGGGATCTGGCATCCATGGG 6240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6181 TAGTACCTCTGCCCCAGGCACGTGGGAAGAGGGGCACGTGGGAAGAGGGGGAGGGGGATCTGGCATCCATGGG 6240

Qy   6241 AAGCATTTTCTCATTTATATTCTTTAGGTTAAAGTTTAGGTTAAAGTTTCTTTCAT 6300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6241 AAGCATTTTCTCATTTATATTCTTTGGGGAAACAGGTCTCAGGGAGAGCAGCAGAAAAT 6300

Qy   6301 AATGGTTCTCCCCAGAATGAAAGTCTCTAAATTCAACAAAAACATCTTCAGAAGCACCTACTACT 6360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6301 AATGGTTCTCCCCAGAATGAAAGTCTCTAAATTCAACAAACATCTTCAGAAGCACCTACTACTAT 6360

Qy   6361 TTTGCAAGACCTGTTTAAGGTAGTAGGGGGCTTTGAGGTTGAGAAGTCACTGTGGCTAT 6420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6361 TTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTAGTAGGGGGCTTTGAGGTTGAGAAGTCACTGTGGCTAT 6420

Qy   6421 TCTCAGAACCCAAATCTGGTAGGGAATGCAAGTCAAGAATTGATAGCAAGTAAATGTAGTAGTCAAGAAG 6480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6421 TCTCAGAACCCAAATCTGGTAGGGAATGCAAGTCAAGAATTGATAGCAAGTAAATGTAGTAGTCAAGAAG 6480

Qy   6481 ACCCCATGAGGTCCTAAAGCAGGAGCAGCGAGCAAATGCTTAGGGTGTCAAAGGAAGAATG 6540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6481 ACCCCATGAGGTCCTAAAGCAGGAGCAGCGAGCAAATGCTTAGGGTGTCAAAGGAAGAATG 6540

Qy   6541 ATCACATTCAGCTGGGATCCAAGATAGCCTTCTGGATCTTGAAGGAAGAGCTGGATTCCA 6600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6541 ATCACATTCAGCTGGGATCGGGATCTGGATCTTGAAGGAAGAGCTGGATTCCA 6600

Qy   6601 TTAGGTGAGGTTGAAGATGGGAGATTAGAAATAATTACTCTGGTGTCAAAGGAATAGGA 6660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6601 TTAGGTGAGGTTGAAGATGGGAGATTAGAAATAATTACTCTGGTGTCAAAGGAATAGGA 6660

Qy   6661 GAGTATAAGGCATACTGGGAGATTAGAAATAATTCTACCCCTTAACCCTGAGTTTGCGT 6720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6661 GAGTATAAGGCATACTGGGAGATTAGAAATAATTCTACCCCTTAACCCTGAGTTTGCGT 6720

Qy   6721 AGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCTACCCCTGAACATCTGTGTGTAGGGAAAAGA 6780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6721 AGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCTACCCCTGAACATCTGTGTGTAGGGAAAAGA 6780

Qy   6781 GAATCAGAAGAAGCCAGCTCATCAGACGTCTTTTGGGATATTGGGTTATGA 6840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6781 GAATCAGAAGAAGCCAGCTCATCAGACGTCTTTTGGGATATTGGGTTATGA 6840

Qy   6841 TCACTGGGGTCATTGAAGGATCCCTGGATAACCTTGGCTGTACCCCGTACCCCCTTATATGGTG 6900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6841 TCACTGGGGTCATTGAAGGATCCCTGGATAACCTTGGCTGTACCCCGTACCCCCTTATATGGTG 6900
```

Left column:

```
Qy   6901 AATGTGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGAGGTGAGGAGACCAGTTAGAAAGCCAATAAGCAT 6960
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6901 AATGTGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGAGGTGAGGAGACCAGTTAGAAAGCCAATAAGCAT 6960

Qy   6961 TTCCAGATGAGAGGATAATGGTCTTGAAATCCAATAGTGCCCAGGTCTAAATTGAGATGG 7020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6961 TTCCAGATGAGAGGATAATGGTCTTGAAATCCAATAGTGCCCAGGTCTAAATTGAGATGG 7020

Qy   7021 GTGAATGAGGAAAATAAGGAAGAGAGAGAGGCAAGAGTGCTGGCTAGTTTGTGATGCCT 7080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7021 GTGAATGAGGAAAATAAGGAAGAGAGAGAGGCAAGAGTGCTGGCTAGTTTGTGATGCCT 7080

Qy   7081 CTTCCTGGGTCTCTTGTCTCCACAGAGGAGCCACTACGTCTTAGCTGAACG 7140
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7081 CTTCCTCGGGTCTCTTGTCTCCACAGAGGAGCCACTACGTCTTAGCTGAACG 7140

Qy   7141 TGAGTGACACGCCAGCCTGCGAGACTCACTGTCTTGGGAAGGACAAAACTAGAGACTCAAAGA 7200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7141 TGAGTGACACGCCAGCCTGCGAGACTCACTGTCTTGGGAAGGACAAAACTAGAGACTCAAAGA 7200

Qy   7201 GGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCATGTTTCAGGAGAGAGTTGAACCTAAACATAGAAATT 7260
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7201 GGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCATGTTTCAGGAGAGAGTTGAACCTAAACATAGAAATT 7260

Qy   7261 GCCTGACGAACTCCTTGATTTAGCCTTCTCTGTTCATTTCCTCAAAAAGATTTCCCCAT 7320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7261 GCCTGACGAACTCCTTGATTTAGCCTTCTCTGTTCATTTCCTCAAAAAGATTTCCCCAT 7320

Qy   7321 TTAGGTTTCTGAGTTCCTGCATGCCGTGATCCGTGATCCCTAGCTGTGACCTTCCTCCCCTGGAACTG 7380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7321 TTAGGTTTCTGAGTTCCTGCATGCCGTGATCCGTGATCCCTAGCTGTGACCTTCCTCCCCTGGAACTG 7380

Qy   7381 TCTCTCATGAACCTCAAGCTGCATCTAGAGGCTTCATTTCCTCCGTCACCTCAGAG 7440
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7381 TCTCTCATGAACCTCAAGCTGCATCTAGAGGCTTCATTTCCTCCGTCACCTCAGAG 7440

Qy   7441 ACATACACCTATGTCATTTCATTTCATTTCCTATTTTGGAAGGAGGACTCCTTAAATTGGGGGA 7500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7441 ACATACACCTATGTCATTTCATTTCATTTCCTATTTTGGAAGGAGGACTCCTTAAATTGGGGGA 7500

Qy   7501 CTTACATGATTCATTTAACATCTGAGAAAAGCTTGAACCTGGGACCTGGCTAGTCAT 7560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7501 CTTACATGATTCATTTAACATCTGAGAAAAGCTTGAACCTGGGACCTGGCTAGTCAT 7560

Qy   7561 AACCTTACCAGATTTTTACACATGTATCATGGCATCTATCTGTGGGTAGTATGATGGGTGTTTTCCT 7620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7561 AACCTTACCAGATTTTTACACATGTATCATGGCATCTATCTGTGGGTAGTATGATGGGTGTTTTCCT 7620

Qy   7621 TTGAATCCTCTCTGTGTTACCCAGTAACTCATCTGTCACCAAGCCTTGGGGATTCTTC 7680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7621 TTGAATCCTCTCTGTGTTACCCAGTAACTCATCTGTCACCAAGCCTTGGGGATTCTTC 7680

Qy   7681 CATCTGATTGTGATGTGAGTGCACAGCTGTACACTGCACGAATGGAAGAG 7740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7681 CATCTGATTGTGATGTGAGTGCACAGCTGTACACTGCACGAATGGAAGAG 7740

Qy   7741 GCAACCTGTCCCAGAAAAGCATCATGGGGTGTCTCCTATCTGTGGGTAGTATGGGTGTTTTTAGC 7800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7741 GCAACCTGTCCCAGAAAAGCATCATGGGGTGTCTCCTATCTGTGGGTAGTATGGGTGTTTTTAGC 7800

Qy   7801 AGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGGTGTTGTTGAAGAGGTGTTTTTCTAATTGGCATGA 7860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7801 AGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGGTGTTGTTGAAGAGGTGTTTTTCTAATTGGCATGA 7860

Qy   7861 AGGTGTCATACAGATTTGCAAACTTAATGGTGCCTTCATTTGGGATGCTACTCTAGTAT 7920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7861 AGGTGTCATACAGATTTGCAAACTTAATGGTGCCTTCATTTGGGATGCTACTCTAGTAT 7920

Qy   7921 TCCAGACCTGAAGAATCACAATAATTTTCTACCTGGTCTCCTTGTTCTTGTTCTGATAATGAAA 7980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7921 TCCAGACCTGAAGAATCACAATAATTTTCTACCTGGTCTCCTTGTTCTTGTTCTGATAATGAAA 7980

Qy   7981 ATTATGATAAGGATGATAAAAGCACTTACTTCGTGTCCGACTCTTCTGAGCACCTACTTA 8040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

Right column:

```
Db   7981 ATTATGATAAGGATGATAAAAGCACTTACTTCGTGTCCGACTCTTCTGAGCACCTACTTA 8040

Qy   8041 CATGCATTACTGCATGCATGCATTCTTACAATAATTCTATGAGATACTTATCCCCAT 8100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8041 CATGCATTACTGCATGCATGCATTCTTACAATAATTCTATGAGATACTTATCCCCAT 8100

Qy   8101 TTCTTTTTTAAATGAAGAAGTGAAGTAGGCCGGGCACGGTGGCTCACGCCTGTAATCCC 8160
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8101 TTCTTTTTTAAATGAAGAAGTGAAGTAGGCCGGGCACGGTGGCTCACGCCTGTAATCCC 8160

Qy   8161 AGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGGTGGATCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCCTGGC 8220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8161 AGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGGTGGATCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCCTGGC 8220

Qy   8221 TAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGCAG 8280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8221 TAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGCAG 8280

Qy   8281 ACGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGGAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCATGAACCCAGGAGG 8340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8281 ACGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGGAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCATGAACCCAGGAGG 8340

Qy   8341 CAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTGCGGCCACTCCAGCCTCCACTCCAGTGACAGAGTGAGA 8400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8341 CAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTGCGGCCACTCCAGCCTCCACTCCAGTGACAGAGTGAGA 8400

Qy   8401 CTCCATCTCAAAAAATAAAATAAAAATGAAAAAAAAAAGAAAGTGAAGTA 8460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8401 CTCCATCTCAAAAAATAAAATAAAAATGAAAAAAAAAAGAAAGTGAAGTA 8460

Qy   8461 TAGAGTATCTCATAGTTTGTGTACGACCACTACATTCAGTGTTTAGATGCTCAGTCAATCTGACCG 8520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8461 TAGAGTATCTCATAGTTTGTGTACGACCACTACATTCAGTGTTTAGATGCTCAGTCAATCTGACCG 8520

Qy   8521 TTTGATACATCTCAGACACTCAGTAGTTTAGATGCCTAGAATAAATAGAGAA 8580
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8521 TTTGATACATCTCAGACACTCAGTAGTTTAGATGCCTAGAATAAATAGAGAA 8580

Qy   8581 GGAAGGAGATGGCTCTTCTCTGAGTGGGGGACCAGTAATTGGTGGGCCCTGCTTGAATCACAT 8640
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8581 GGAAGGAGGATGGCTCTTCTCTGAGTGGGGGACCAGTAATTGGTGGGCCCTGCTTGAATCACAT 8640

Qy   8641 GAAGGGAACACAGAAAACAACAACCAACTGATCCTCAGCGTGTCAGCGTGTCCTTAAAAGTC 8700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8641 GAAGGGAACACAGAAAACAACAACCAACTGATCCTCAGCGTGTCAGCGTGTCCTTAAAAGTC 8700

Qy   8701 CCTGAAGGAAGTGCCTGAAATGTGACTCCCCTGCTCTCTGTTGGCATTCA 8760
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8701 CCTGAAGGAAGTGCCTGAAATGTGACTCCCCTGCTCTCTGTTGGCATTCA 8760

Qy   8761 TTTCTTGGACCCTACCGCAAGGACTGTAATTGGTGGGCCCTGCTCCGGGC 8820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8761 TTTCTTGGACCCTACCGCAAGGACTGTAATTGGTGGGCCCTGCTCTGGGC 8820

Qy   8821 TTCACACACGGTCTCCTCCCTAGGCCAGTCGTCTCGGAGTCCTGGTATTTC 8880
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8821 TTCACACACGGTCTCCTCCCTAGGCCAGTCGTCTCGGAGTCCTGGTATTTC 8880

Qy   8881 CCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCATTTTGAGATGGTATAAATGGAAGCCACCAAGTG 8940
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8881 CCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCATTTTGAGATGGTATAAATGGAAGCCACCAAGTG 8940

Qy   8941 GCTTAGGAGGATGCCCAGGTCCTTCCGTGGAGCCACTGGGGTTCCGGTTCCGGTGCACATTAAAAAA 9000
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8941 GCTTAGGAGGATGCCCAGGTCCTTCCGTGGAGCCACTGGGGTTCCGGTTCCGGTGCACATTAAAAAA 9000

Qy   9001 AAAATCTAACCAGGACATTGCTAGATTCAGGAATTGCTAGATTCTGGGAAATCAGTTCACCATGTTCA 9060
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9001 TCCAGACCTGAAGAAGTAACCAGGACATTCAGGAATTGCTAGATTCTGGGAAATCAGTTCACCATGTTCA 9060

Qy   9061 AAAGAGTCTTTTTTTTTTTTGAGACTCTATTGCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCATGAT 9120
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db   9061 AAAGAGTCTTTTTTTTTTTTGAGACTCTATTGCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCATGAT 9120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy   9121 CTCGGCTCACTGTAACCTCGCCTGCCTCCCAGGTTCAAGCGATTCTCCTGCCTCAGCCTCCCA 9180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9121 CTCGGCTCACTGTAACCTCGCCTGCCTCCCAGGTTCAAGCGATTCTCCTGCCTCAGCCTCCCA 9180

Qy   9181 AGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCATGCCCGGCTAATTTTGTATTTTTAGTAGA 9240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9181 AGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCATGCCCGGCTAATTTTGTATTTTTAGTAGA 9240

Qy   9241 GACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCCTGACCTCGTGATCCGCC 9300
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9241 GACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCCTGACCTCGTGATCCGCC 9300

Qy   9301 TGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGCGTGAGCCACCGCGCCCGGCCGTCAAA 9360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9301 TGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGCGTGAGCCACCGCGCCCGGCCGTCAAA 9360

Qy   9361 AGAGTCTTAATATATATATCCAGATGGCATGTGTTACTTTATGTTACTACATGCACTTG 9420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9361 AGAGTCTTAATATATATATCCAGATGGCATGTGTTACTTTATGTTACTACATGCACTTG 9420

Qy   9421 GCTGCATAAATGTGGTACAAGCATTCTGTCTTGAAGGGCAGGTGCTTCAGGATACCATAT 9480
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9421 GCTGCATAAATGTGGTACAAGCATTCTGTCTTGAAGGGCAGGTGCTTCAGGATACCATAT 9480

Qy   9481 ACAGCTCAGAAGTTTCTTCTTTAGGCATTAAATTTTAGCAAAGATATCTCATCTCTTCTT 9540
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9481 ACAGCTCAGAAGTTTCTTCTTTAGGCATTAAATTTTAGCAAAGATATCTCATCTCTTCTT 9540

Qy   9541 TTAAACCATTTCTTTTTTTGTGTTAGGTTATGTGAAAAAGTAAATGTGATTT 9600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9541 TTAAACCATTTCTTTTTTTGTGTTAGGTTATGTGAAAAAGTAAATGTGATTT 9600

Qy   9601 ACGCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAATGAATACAAATTAAAGCTGTGTTATTAATTAGGCCAG 9660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9601 ACGCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAATGAATACAAATTAAAGCTGTGTTATTAATTAGGCCAG 9660

Qy   9661 TGAAAAACTATTAACAACTGTCTATTACCTGTTAGTATTATTGTTGCATTAAAAATGCA 9720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9661 TGAAAAACTATTAACAACTGTCTATTACCTGTTAGTATTATTGTTGCATTAAAAATGCA 9720

Qy   9721 TATACTTTAATAAAATGTATATTGTATTGTATACTGCATGATTTTATTGAAGTTCTTGTTC 9780
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9721 TATACTTTAATAAAATGTATATTGTATTGTATACTGCATGATTTTATTGAAGTTCTTGTTC 9780

Qy   9781 ATCTTGTGTATATACTTAATCGCTTGTCATTTGGAGACATTTATTTTGCTTCTCTAATTT 9840
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9781 ATCTTGTGTATATACTTAATCGCTTGTCATTTGGAGACATTTATTTTGCTTCTCTAATTT 9840

Qy   9841 CTTTACATTTTGTCTTACGGGAATATTTCATTCAACTGTGGTAGCCGAATTAATCGTGTT 9900
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9841 CTTTACATTTTGTCTTACGGGAATATTTCATTCAACTGTGGTAGCCGAATTAATCGTGTT 9900

Qy   9901 TCTTCACTCTAGGGACAGATGTCGTCTAAGGTGTAAGACATTGGTTATTTTACCAGCAAAC 9960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9901 TCTTCACTCTAGGGACAGATGTCGTCTAAGGTGTAAGACATTGGTTATTTTACCAGCAAAC 9960

Qy   9961 CATTCTGAAAGCATAATGACAATAGACAAAATTATTCTCTCTAATATCTTAACTATACTTAATTT 10020
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9961 CATTCTGAAAGCATAATGACAATAGACAAAATTATTCTCTCTAATATCTTAACTATACTTAATTT 10020

Qy  10021 CTGCTATAAGGCTTCACTTACCTCTTCTACCTCATAAGGAATATGTTACAAATTAATTAATT 10080
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10021 CTGCTATAAGGCTTCACTTACCTCTTCTACCTCATAAGGAATATGTTACAAATTAATTAATT 10080

Qy  10081 AGGTAAGCATTTGTTTTATATTTGGTTTTATTTGGTTTATTTGTTTATTTTACCAGCTGAGATTTCAAGAAACACC 10140
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10081 AGGTAAGCATTTGTTTTATATTTGGTTTTATTTGGTTTATTTGTTTATTTTACCAGCTGAGATTTCAAGAAACACC 10140

Qy  10141 CCAGTCTTCACAGTAACACATTTACTAAAACATCAGCAACTGTGGCCT 10200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10141 CCAGTCTTCACAGTAACACATTTACTAAAACATCAGCAACTGTGGCCT 10200
```

```
Db  10201 GTTAATTTTTTAATAGAAATTTAAGTCCCTCCATTTTTCTTCGGTGTTTTTTAAGCTTAA 10260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  10201 GTTAATTTTTTAATAGAAATTTAAGTCCCTCCATTTTTCTTCGGTGTTTTTTAAGCTTAA 10260

Qy  10261 TTTTTCTTATTCATAAATTCTAAGGTCAACTACATTGAAAAATCAAAGACCTG 10320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10261 TTTTTCTTATTCATAAATTCTAAGGTCAACTACATTGAAAAATCAAAGACCTG 10320

Qy  10321 CATTTAAATTCTTATTCACCTCTGGCAAAACCATTCACAAACCATGGTAGTAGAGAA 10380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10321 CATTTAAATTCTTATTCACCTCTGGCAAAACCATTCACAAACCATGGTAGTAGAGAA 10380

Qy  10381 GGGTGACACCTGTGGCCATAGTAAATGTACCACGTGGTCCGGTGACCAGAGATGCAG 10440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10381 GGGTGACACCTGTGGCCATAGTAAATGTACCACGTGGTCCGGTGACCAGAGATGCAG 10440

Qy  10441 CGCTGAGGGTTTCCTGAAGGTAAAGGAATAAAGAATAAGAATGGGTGGAGGGGCGTGCACTGGAA 10500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10441 CGCTGAGGGTTTCCTGAAGGTAAAGGAATAAAGAATAAGAATGGGTGGAGGGGCGTGCACTGGAA 10500

Qy  10501 ATCACTTGTAGAGAAAAGCCCCTGAAAATTTGAGAAAACAAACAAGAAAACTACTTACCAG 10560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10501 ATCACTTGTAGAGAAAAGCCCCTGAAAATTTGAGAAAACAAACAAGAAAACTACTTACCAG 10560

Qy  10561 CTATTTGAATTGCTGGAATCACAGGCCATTGCTGAGCTGCCTGAACTGGGAACACAACAG 10620
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10561 CTATTTGAATTGCTGGAATCACAGGCCATTGCTGAGCTGCCTGAACTGGGAACACAACAG 10620

Qy  10621 AAGGAAAACAAACCACTCTGATAATCATTGATAATCATTGAGTCAAGTACAGCAGGTGAGGACTGC 10680
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10621 AAGGAAAACAAACCACTCTGATAATCATTGATAATCATTGAGTCAAGTACAGCAGGTGAGGACTGC 10680

Qy  10681 TGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTTATGTGTGTTATTATAATAGTCATCTTATAATACTGT 10740
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10681 TGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTTATGTGTGTTATTATAATAGTCATCTTATAATACTGT 10740

Qy  10741 CAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTCCACAACACATTTAAAAACAAAACACTGTCTC 10800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10741 CAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTCCACAACACATTTAAAAACAAAACACTGTCTC 10800

Qy  10801 TAAAATCCCAAATTTTTCATAAAC 10825
          ||||||||||||||||||||||||
Db  10801 TAAAATCCCAAATTTTTCATAAAC 10825
```

APPLICATION NUMBER: US/09/503,444A
FILING DATE: 14-Feb-2000
CLASSIFICATION:
PRIOR APPLICATION DATA:
APPLICATION NUMBER: 08/652,265
FILING DATE: 23-May-1996
PRIOR APPLICATION DATA:
APPLICATION NUMBER: 08/632,673
FILING DATE: 16-Apr-1996
PRIOR APPLICATION DATA:
APPLICATION NUMBER: 08/630,912
FILING DATE: 04-Apr-1996
ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
NAME: Poissant, Brian M.
REGISTRATION NUMBER: 28,462
REFERENCE/DOCKET NUMBER: 8907-0088-999
TELECOMMUNICATION INFORMATION:
TELEPHONE: 212-790-9090
TELEFAX: 212-869-9741
TELEX: 66141
INFORMATION FOR SEQ ID NO: 3:
SEQUENCE CHARACTERISTICS:
LENGTH: 10825 base pairs
TYPE: nucleic acid
STRANDEDNESS: single
TOPOLOGY: linear
MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
FEATURE:
NAME/KEY: CDS
LOCATION: join(361..436, 3762..4025, 4235..4510, 5606..5881,
LOCATION: 6040..6153, 7107..7147)
OTHER INFORMATION: /product= "Hereditary Hemochromatosis
OTHER INFORMATION: mutation"
OTHER INFORMATION: /note= "Hereditary Hemochromatosis (HH)
OTHER INFORMATION: gene 24d1 allele"
FEATURE:
NAME/KEY: -
LOCATION: 140..7319
OTHER INFORMATION: /note= "start and stop positions for
OTHER INFORMATION: 24d1 allele cDNA (SEQ ID NO:10)"
FEATURE:
NAME/KEY: -
LOCATION: 3852..3891
OTHER INFORMATION: /note= "start and stop positions for
OTHER INFORMATION: genomic sequence surrounding variant
OTHER INFORMATION: for 24d2(C) allele (SEQ ID NO:41)"
FEATURE:
NAME/KEY: -
LOCATION: 5507..6023
OTHER INFORMATION: /note= "start and stop positions for
OTHER INFORMATION: genomic sequence surrounding variant
OTHER INFORMATION: for 24d1(A) allele (SEQ ID NO:21)"
FEATURE:
NAME/KEY: allele
LOCATION: replace(5834, "a")
OTHER INFORMATION: /phenotype= "Hereditary Hemochromatosis
OTHER INFORMATION: /label= 24d1
US-09-503-444A-3

Query Match   100.0%;   Score 10825;   DB 4;   Length 10825;
Best Local Similarity   100.0%;   Pred. No. 0;
Matches 10825;   Conservative 0;   Mismatches 0;   Indels 0;   Gaps 0;

Qy   1   TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTTAAATGTATGATTGAATTTTGAAAATCATAAAATATTTA   60
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1   TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTTAAATGTATGATTGAATTTTGAAAATCATAAAATATTTA   60

Qy   61   AATATCTAAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTTCCCCAATCAACAACACCCCT 120
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   61   AATATCTAAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTTCCCCAATCAACAACACCCCT 120

Qy   121 TCAGGATTTAAAAACCAAGGGGACACTGGATCACCTAGTTGTTTCACAAGCAGGTACCTT 180
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   121 TCAGGATTTAAAAACCAAGGGGACACTGGATCACCTAGTTGTTTCACAAGCAGGTACCTT 180

Qy   181 CTGCTGTAGGAGAGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTTGCTTTTCACCAGGAAGTT 240
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   181 CTGCTGTAGGAGAGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTTGCTTTTCACCAGGAAGTT 240

Qy   241 TTACTGGGCATCTCCTGAGCCTAGGCAATAGCTGTAGGGTGACTTCTGGAGCCATCCCCG 300
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   241 TTACTGGGCATCTCCTGAGCCTAGGCAATAGCTGTAGGGTGACTTCTGAGCCATCCCCG 300

Qy   301 TTTCCCCGCCCCCCAAAAGAAGCGGAGATTTAACCGGACGCTGCGGCCAGAGCTGGGGAA 360
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   301 TTTCCCCGCCCCCCAAAAGAAGCGGAGATTTAACCGGACGCTGCGGCCAGAGCTGGGGAA 360

Qy   361 ATGGGCCCGGAGCCAGGCCGGCGCGCTTCTCCCTGATGCTTTTGCAGACCGCGGTCCTG 420
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   361 ATGGGCCCGGAGCCAGGCCGGCGCGCTTCTCCCTGATGCTTTTGCAGACCGCGGTCCTG 420

Qy   421 CAGGGGCGCGTTGCTGCGTGCGTGCGGGCGAACTAGGGGGCGCGGCGGGGGTG 480
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   421 CAGGGGCGCGTTGCTGCGTGCGTGCGGGCGAACTAGGGGGCGCGGCGGGGGTG 480

Qy   481 GAAAAATCGAAACTAGCTTTCTTTCTTGCGCTTGGCGCTTGGCGCTTGGGAGTTTGCTAACTTTGGAGGACCTGC 540
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   481 GAAAAATCGAAACTAGCTTTCTTTCTTGCGCTTGGCGCTTGGCGCTTGGGAGTTTGCTAACTTTGGAGGACCTGC 540

Qy   541 TCAACCCTATCCGCAAGCCCCTCTCCCTACTTTCTGCGTCCAGACCCCGTGAGGGAGTGC 600
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   541 TCAACCCTATCCGCAAGCCCCTCTCCCTACTTTCTGCGTCCAGACCCCGTGAGGGAGTGC 600

Qy   601 CTACCACTGAACTGCAGATAGGGTCCCTCGCCCCAGAGACCTGCCCCCTCCCCGGCTGT 660
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   601 CTACCACTGAACTGCAGATAGGGTCCCTCGCCCCAGAGACCTGCCCCCTCCCCGGCTGT 660

Qy   661 CCCGGCTCTGCGGAGTGACTTTTGGAACCGCCGTCCCTCCCCACTCCGCCTAGAATGCTTT 720
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   661 CCCGGCTCTGCGGAGTGACTTTTGGAACCGCCGTCCCTCCCCACTCCGCCTAGAATGCTTT 720

Qy   721 TAAATAAATCTCGTAGTTCCTCACTTGAGCTGAGCTAAGCCTCGGCGTCCTTGAACCTGG 780
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   721 TAAATAAATCTCGTAGTTCCTCACTTGAGCTGAGCTAAGCCTCGGCGTCCTTGAACCTGG 780

Qy   781 AACTCGGGTTTATTTCCAATGTCAGCTGTGCAGTTTTTCCCAGTCATCTCCAAACAGG 840
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   781 AACTCGGGTTTATTTCCAATGTCAGCTGTGCAGTTTTTCCCAGTCATCTCCAAACAGG 840

Qy   841 AAGTTCTTCCCTGAGTGCTTGCCGAGAAGGCTGAGCAAACCACAGCAGGATCCGCACGG 900
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   841 AAGTTCTTCCCTGAGTGCTTGCCGAGAAGGCTGAGCAAACCACAGCAGGATCCGCACGG 900

Qy   901 GGTTCCACCTCAGAACGAATGCGTTGGGCGGTTGGGGCGCGAAAGAGTGGCGCTTGGGGA 960
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   901 GGTTCCACCTCAGAACGAATGCGTTGGGCGGTTGGGGCGCGAAAGAGTGGCGCTTGGGGA 960

Qy   961 TCTGAATTCTTCACCATTCCACCCACTTTTGGTGAGACCTGGGGTGGAGGTCTCTAGGGT 1020
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   961 TCTGAATTCTTCACCATTCCACCCACTTTTGGTGAGACCTGGGGTGGAGGTCTCTAGGGT 1020

Qy 1021 GGGAGGTCCTGAGAGAGGCCTACCTCGGGCCTTTCCCCACTCTTGCAATTGTTCTTTT 1080
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 1021 GGGAGGTCCTGAGAGAGGCCTACCTCGGGCCTTTCCCCACTCTTGCAATTGTTCTTTT 1080

Qy 1081 GCCTGGAAAATTAAGTATATGTTAGTTTTGAACGTTTGAACTTGAACAATTCTCTTTTCGG 1140
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 1081 GCCTGGAAAATTAAGTATATGTTAGTTTTGAACGTTTGAACTTGAACAATTCTCTTTTCGG 1140

Qy 1141 CTAGGCTTTATTGATTTGCAATTGCGTGTAATTAAGAGGCCTCTGTAAATTAAGAGGCCTCTCTACAAAGTACTGA 1200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 1141 CTAGGCTTTATTGATTTGCAATTGCGTGTAATTAAGAGGCCTCTGTAAATTAAGAGGCCTCTCTACAAAGTACTGA 1200

```
Qy  1201  TAATGAACATGTAAGCAATCACTCACTTCTAAGTTACACATTCATATCTGATCTTATTTGA  1260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1201  TAATGAACATGTAAGCAATCACTCACTTCTAAGTTACACATTCATATCTGATCTTATTTGA  1260

Qy  1261  TTTTCACTAGGCATAGGGAGGTAGGAGCTAATAATACGTTTATTTTACTAGAAGTTAACT  1320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1261  TTTTCACTAGGCATAGGGAGGTAGGAGCTAATAATACGTTTATTTTACTAGAAGTTAACT  1320

Qy  1321  GGAATTCAGATTATATAACTCTTTTCAGGTTACAAAGAACATAAATAATCTTGGTTTTCTG  1380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1321  GGAATTCAGATTATATAACTCTTTTCAGGTTACAAAGAACATAAATAATCTTGGTTTTCTG  1380

Qy  1381  ATGTTATTTCAAGTACTACAGCTGCTTCTAATCTTAGTTGACAGTGATTTTGCCCTGTAG  1440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1381  ATGTTATTTCAAGTACTACAGCTGCTTCTAATCTTAGTTGACAGTGATTTTGCCCTGTAG  1440

Qy  1441  TGTAGCACAGTGTTCTGTTGGGTCACACGCCGGCCTCAGCACAGCACTTTGAGTTTTGGTA  1500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1441  TGTAGCACAGTGTTCTGTTGGGTCACACGCCGGCCTCAGCACAGCACTTTGAGTTTTGGTA  1500

Qy  1501  CTACGTGTATCCACATTTACACATGACAAGAATGAGGCATGGCACGGCCTGCTTCCTGG  1560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1501  CTACGTGTATCCACATTTACACATGACAAGAATGAGGCATGGCACGGCCTGCTTCCTGG  1560

Qy  1561  CAAATTTATTCAAGTGTACACTGGGCTTGGTGCAGAGCTCATGTCTCCACTTCATAGC  1620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1561  CAAATTTATTCAAGTGTACACTGGGCTTGGTGCAGAGCTCATGTCTCCACTTCATAGC  1620

Qy  1621  TATGATTCTTAAACATCACACTCACTAGAGTTGAATAATAAAATTCATGTTGAGCAG  1680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1621  TATGATTCTTAAACATCACACTCACTAGAGTTGAATAATAAAATTCATGTTGAGCAG  1680

Qy  1681  AAATATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGTCCCAGCCATGTGTTGCACTGTTCAAGCCC  1740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1681  AAATATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGTCCCAGCCATGTGTTGCACTGTTCAAGCCC  1740

Qy  1741  CAAGGCAGAGAGCAGCAGGGAAACAAGTCTTTACCCTTTGATATTTTGCATTCTAGTGGGAGA  1800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1741  CAAGGCAGAGAGCAGCAGGGAAACAAGTCTTTACCCTTTGATATTTTGCATTCTAGTGGGAGA  1800

Qy  1801  GATGACAATAAGCAAATGATAATTGACTGGAGCAGTATTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCTGTGTGA  1860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1801  GATGACAATAAGCAAATGATAATTGACTGGAGCAGTATTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCTGTGTGA  1860

Qy  1861  GAAGCAGAGAGCAGGGGAAGGGGTCAGGGCAAGTCACTCTGGGGCTGACACTTGAGCAGACATGAAGGA  1920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1861  GAAGCAGAGAGCAGGGGAAGGGGTCAGGGCAAGTCACTCTGGGGCTGACACTTGAGCAGACATGAAGGA  1920

Qy  1921  AATAAGAATGATATTGACTGGAGCAGTATTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCCTGGCAAG  1980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1921  AATAAGAATGATATTGACTGGAGCAGTATTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCCTGGCAGTT  1980

Qy  1981  TTGGATTAAAAAGCGGGTTTCTCAGCTACTACTCATGTGTGTGTCTAGCAGTGGGGGGGGG  2040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1981  TTGGATTAAAAAGCGGGTTTCTCAGCTACTACTCATGTGTGTGTCTAGCAGTGGGGGGGGG  2040

Qy  2041  CGGCGTGGGGGTGGGAAGGGGACTACCAGCACTCCCCCAGTCTTGGGCATGGGGGGG  2100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2041  CGGCGTGGGGGTGGGAAGGGGACTACCAGCACTCCCCCCAGTCTTGGGCATGGGGGGG  2100

Qy  2101  CCTCCCTACTCACTAGGTGCTGCTAGGAGCAGTATTCCCAGGCAAACCAAAAGTCTCT  2160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2101  CCTCCCTACTCACTAGGTGCTGCTAGGAGCAGTATTCCCAGGCAAACCAAAAGTCTCT  2160

Qy  2161  AAACTTTGCCACATGTCACCTAGTAGACAAAACTCCTGGTTAAGAAGCTCGGGTTGAAAAA  2220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2161  AAACTTTGCCACATGTCACCTAGTAGACAAAACTCCTGGTTAAGAAGCTCGGGTTGAAAAA  2220

Qy  2221  AATAAACAAGTAGTCTGGGGTGCTGGGGGTAGGGAGGTAGGGAGGCCAAGAAGCTCAGAAGAGGA  2280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2221  AATAAACAAGTAGTCTGGGGTGCTGGGGGTAGGGAGGTAGGGAGGCCAAGAAGCTCAGAAGAGGA  2280

Qy  2281  GCCACAAACAAGGTTGTGCAGGCGCCTGAGGCTGTGGTGTGAATTCTAGCCAAGGAGTA  2340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2281  GCCACAAACAAGGTTGTGCAGCGCCTGTAGGCTGGTGGTGTGAATTCTAGCCAAGGAGTA  2340
```

```
Qy  2341  ACAGTGATCTGTCACAGGCTTTAAAAGATTGCTCTGGCTGTCTCTGGCTGTGGAAAGCAGAAATG  2400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2341  ACAGTGATCTGTCACAGGCTTTAAAAGATTGCTCTGGCTGTCTCTGGCTGTGGAAAGCAGAAATG  2400

Qy  2401  AAGGGAGCAACAGTAAAAGCAGGAGCCCAGCCAGGAGTGTTACACAGTCCAGGCAAG  2460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2401  AAGGGAGCAACAGTAAAAGCAGGAGCCCAGCCAGGAGTGTTACACAGTCCAGGCAAG  2460

Qy  2461  AGGTAGTGGAGTGGGCTGGGGTGGGAACAGAGAAAAGGGAGTGACAAACCATTGTCTCCTGAA  2520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2461  AGGTAGTGGAGTGGGCTGGGGTGGGAACAGAGAAAAGGGAGTGACAAACCATTGTCTCCTGAA  2520

Qy  2521  TATATTCTGAAGGAAGTTGCTGAAGGATTCTCATGTGTGTGAGAAGAGAAGAGGATTGG  2580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2521  TATATTCTGAAGGAAGTTGCTGAAGGATTCTCATGTGTGTGAGAGAAGAGAAGAATTGG  2580

Qy  2581  CTGGGTGTAGTAGCTCATGCCAAGGAGGAGAGCCAAGGCCAGATTCCTGAGCTTCAGGA  2640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2581  CTGGGTGTAGTAGCTCATGCCAAGGAGGAGAGCCAAGGCCAGATTCCTGAGCTTCAGGA  2640

Qy  2641  GTTCAAGACCAGCCTGGCAACACAGCAAAACCCCTTCTCTACAAAAAATACAAAAATTA  2700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2641  GTTCAAGACCAGCCTGGCAACACAGCAAAACCCCTTCTCTACAAAAAATACAAAAATTA  2700

Qy  2701  GCTGGGTGTGGTGGCATGCACCTGTATCCTAGCTACTCGGGAGGCTGAGGTGGAGGGTA  2760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2701  GCTGGGTGTGGTGGCATGCACCTGTATCCTAGCTACTCGGGAGGCTGAGGTGGAGGGTA  2760

Qy  2761  TTGCTTGAGCCCAGGAGTTGAGGCTGCAGTGAGCCATGACTGTGCCACTGTACTTCAGC  2820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2761  TTGCTTGAGCCCAGGAGTTGAGGCTGCAGTGAGCCATGACTGTGCCACTGTACTTCAGC  2820

Qy  2821  CTAGGTGACAGAGCAAGACCAAGACCCTGTCTCCCCGAAAAAGAAGAAGAGTTAAAGT  2880
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2821  CTAGGTGACAGAGCAAGACCAAGACCCTGTCTCCCCGAAAAAGAAGAAGAGTTAAAGT  2880

Qy  2881  TGACTTTGTTCTTTATTTTAATTTATTTAATTTATTGGCCTGAGCAGTGGTAATTGGCAATGCCAT  2940
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2881  TGACTTTGTTCTTTATTTTAATTTATTTAATTTATTGGCCTGAGCAGTGGTAATTGGCAATGCCAT  2940

Qy  2941  TTCTGAGATGGTGAAGGCAGGAGAAAGCAGTTTGGGGTAAATCAAGGATCTGCATTTG  3000
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2941  TTCTGAGATGGTGAAGGCAGGAGAAAGCAGTTTGGGGTAAATCAAGGATCTGCATTTG  3000

Qy  3001  GGACATGTTAAGTTGAGATTCCAGTCAGGCTTCCAAGTGGTTCCAAGTGGTCAGCAGTT  3060
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3001  GGACATGTTAAGTTGAGATTCCAGTCAGGCTTCCAAGTGGTTCCAAGTGGTCAGCAGTT  3060

Qy  3061  CAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGCACGTGTCACTTCTGTAATCCCAGCACT  3120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3061  CAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGCACGTGTCACTTCTGTAATCCCAGCACT  3120

Qy  3121  TTGGTGGGCTGAGGCCAGGTAGATCATTTGAGGTCAGGAGTTCAAGACCAGCCTGGCCAACA  3180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3121  TTGGTGGGCTGAGGCCAGGTAGATCATTTGAGGTCAGGAGTTCAAGACCAGCCTGGCCAACA  3180

Qy  3181  TGGTGAAACCCCATGTCTACTAAAAATACAAAAATTAGCCTGGTGTGGTGGCGCACGCCT  3240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3181  TGGTGAAACCCCATGTCTACTAAAAATACAAAAATTAGCCTGGTGTGGTGGCGCACGCCT  3240

Qy  3241  ATAGTCCCAGGTTTTCAGGAGGCTTAGGTGGGAATCCCTTGAACCCAGGAGGTGCAGG  3300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3241  ATAGTCCCAGGTTTTCAGGAGGCTTAGGTGGGAATCCCTTGAACCCAGGAGGTGCAGG  3300

Qy  3301  TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGATGATGAGACTCTGT  3360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3301  TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGATGATGAGACTCTGT  3360

Qy  3361  CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGAATTATTCCTCAGGATTGGG  3420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3361
```

Left column:

```
Db   3361 CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATTTGGG 3420

Qy   3421 TCTAATTTGCCCTGAGCCAACTCCTGAGTTCAACTACCATGGCTAGACACACCTTAAC 3480
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3421 TCTAATTTGCCCTGAGCCAACTCCTGAGTTCAACTACCATGGCTAGACACACCTTAAC 3480

Qy   3481 ATTTTCTAGAATCCACCAGCTTAGTGGAGTCTGTCTAATCATGAGTATTGGAATAGGAT 3540
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3481 ATTTTCTAGAATCCACCAGCTTAGTGGAGTCTGTCTAATCATGAGTATTGGAATAGGAT 3540

Qy   3541 CTGGGGGCAGTGAGGGGTGGCCAGCCACGTGGCAGAGAAAGCACACAAGGAAAGAGC 3600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3541 CTGGGGGCAGTGAGGGGTGGCCAGCCACGTGGCAGAGAAAGCACACAAGGAAAGAGC 3600

Qy   3601 ACCCAGGACTGCATATGGAAGAAAGACAGGAGACTGCAACTCACCCTTCACAAAATGAGGA 3660
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3601 ACCCAGGACTGCATATGGAAGAAAGACAGGAGACTGCAACTCACCCTTCACAAAATGAGGA 3660

Qy   3661 CCAGACACAGCTGATGGTATGAGTTGATGCAGGTGTGTCTCTCTGTCTCCCAACATCCTGCTCCC 3720
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3661 CCAGACACAGCTGATGGTATGAGTTGATGCAGGTGTGTCTCTCTGTCTCCCAACATCCTGCTCCC 3720

Qy   3721 CTCCTACTACACATGGTTAAGGCCTCAGAGCAGGACCTTGGCTTTCCTTGTTGAAGCTTTGGGCTA 3780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3721 CTCCTACTACACATGGTTAAGGCCTCAGAGCAGGACCTTGGCTTTCCTTGTTGAAGCTTTGGGCTA 3780

Qy   3781 CGTGATGACCAGCTGTTCGTGTTCTATGATCATGAGAGTCGCCGTGTGGAGCCCCGAAC 3840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3781 CGTGATGACCAGCTGTTCGTGTTCTATGATCATGAGAGTCGCCGTGTGGAGCCCCGAAC 3840

Qy   3841 TCCATGGGTTCCAGTAGAATTCAAGCCAGATGGCTGCACTATTATGGAAAATCACAACCACAG 3900
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3841 TCCATGGGTTCCAGTAGAATTCAAGCCAGATGGCTGCACTATTATGGAAAATCACAACCACAG 3900

Qy   3901 AGGGTGGGGATCACATGTTCACTGTTGACTTCTGGAAGTCTGGGGATGGTCGGGAAGAGGGGAAG 3960
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3901 AGGGTGGGGATCACATGTTCACTGTTGACTTCTGGAAGTCTGGGGATGGTCGGGAAGAGGGGAAG 3960

Qy   3961 CAAGGGTATGTGGAGAGGGGCCTTCACCTTCCTGAGGTTGTCAGAGCTTTTCATCTTTTC 4020
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3961 CAAGGGTATGTGGAGAGGGGCCTTCACCTTCCTGAGGTTGTCAGAGCTTTTCATCTTTTC 4020

Qy   4021 ATGCATCTTGAAGGAAACAGCTGGGGATCATTTGGTCCTTGGGATGGTGGGAAATAGGGACCTATTCCTT 4080
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4021 ATGCATCTTGAAGGAAACAGCTGGGGATCATTTGGTCCTTGGGATGGTGGGAAATAGGGACCTATTCCTT 4080

Qy   4081 GAATTGCTTCCTCCTGAGATCATTGGTCGTGTGTTGGTCCTTGGGATTGGTGGGAAATAGGGACCTATTCCTT 4140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4081 GAATTGCTTCCTCCTGAGATCATTGGTCGTGTGTTGGTCCTTGGGATTGGTGGGAAATAGGGACCTATTCCTT 4140

Qy   4141 TGGTTGCAGTTAACAAGCTGGGGATTTTCCAGAGTACCGAGGCTGGAAGTACGGGTATGATGGG 4200
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4141 TGGTTGCAGTTAACAAGCTGGGGATTTTCCAGAGTACCGAGGCTGGAAGTACGGGTATGATGGG 4200

Qy   4201 GGCTGTGAAATGCAAGAGAACAACAGTACCGAGGCTACTGGAAGTCAGAGCAGCAGAACCCAGGGCC 4260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4201 GGCTGTGAAATGCAAGAGAACAACAGTACCGAGGCTACTGGAAGTCAGAGCAGCAGAACCCAGGGCC 4260

Qy   4261 CAGGAACCACCTTGAATTCTGCCCTGACACACTGCTTCGGGCCAGGACGACAAGAGGGCCTAC 4320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4261 CAGGAACCACCTTGAATTCTGCCCTGACACACTGCTTCGGGCCAGGACGACAAGAGGGCCTAC 4320

Qy   4321 TGGCCCCACCAAGCTGGGATGGGAAAGTGGAAGGCACAAGAGATTCGGGCAGACCCAGGGACTAGG 4380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4321 TGGCCCCACCAAGCTGGGATGGGAAAGTGGAAGGCACAAGAGATTCGGGCAGACCCAGGGACTAGG 4380

Qy   4381 CTGGAGAGGGACTGCCCCTGCACAGCTGCGAGCAGTTGCTGGAGCTGGGGAGGTGTTTG 4440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4381 CTGGAGAGGGACTGCCCCTGCACAGCTGCGAGCAGTTGCTGGAGCTGGGGAGGTGTTTG 4440
```

Right column:

```
Qy   4501 GACCAACAAGGTATGTGGAAACACACTTCTGCCCCCTATACTCTAGTGGCAGAGTGGGAGG 4560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4501 GACCAACAAGGTATGTGGAAACACACTTCTGCCCCCTATACTCTAGTGGCAGAGTGGGAGG 4560

Qy   4561 AGGTTGCAGGGCACGGAATCCCTGGTTGGAGTTCAGAGGTGGCGTGAGCGTGTGCCTC 4620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4561 AGGTTGCAGGGCACGGAATCCCTGGTTGGAGTTCAGAGGTGGCGTGAGCGTGTGCCTC 4620

Qy   4621 TCCAAATTCTGGAAGGGACTTTCTCAATCCTAGAGTCTCTACCTTATATATTGAGATGTA 4680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4621 TCCAAATTCTGGAAGGGACTTTCTCAATCCTAGAGTCTCTACCTTATATATTGAGATGTA 4680

Qy   4681 TGAGACAGCCACAAGTCATGGGTTTAATTTCTTTTCTCCATGCATATGGCTCAAAGGGAA 4740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4681 TGAGACAGCCACAAGTCATGGGTTTAATTTCTTTTCTCCATGCATATGGCTCAAAGGGAA 4740

Qy   4741 GTGTCTATGGCCCTTGCTTTTTATTTAACCAATAATCTTTTGTATATTTATACCTGTTAA 4800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4741 GTGTCTATGGCCCTTGCTTTTTATTTAACCAATAATCTTTTGTATATTTATACCTGTTAA 4800

Qy   4801 AAATTCAGAAATGTCAAGGCCGGGCACGGTGGCTCACCCCTGTAATCCCAGCACTTTGGG 4860
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4801 AAATTCAGAAATGTCAAGGCCGGGCACGGTGGCTCACCCCTGTAATCCCAGCACTTTGGG 4860

Qy   4861 AGGCCGAGGCGGGTGGTCACAAGGTCAGGAGTTTGAGACCAGCCTGACCAACATGGTGAA 4920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4861 AGGCCGAGGCGGGTGGTCACAAGGTCAGGAGTTTGAGACCAGCCTGACCAACATGGTGAA 4920

Qy   4921 ACCCGTCTCTAAAAAAATACAAAAATTAGCTGGTCACAGTCATGCGACCTGTAGTCCCA 4980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4921 ACCCGTCTCTAAAAAAATACAAAAATTAGCTGGTCACAGTCATGCGACCTGTAGTCCCA 4980

Qy   4981 GCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGAGAATCGCTTGAACCTGGGAGGCAGAGTGAGACTCCATCTTAAAAAA 5040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4981 GCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGAGAATCGCTTGAACCTGGGAGGCAGAGTGAGACTCCATCTTAAAAAA 5040

Qy   5041 GCCAAGATCGCGCACTGCACTCCAGCCTGGGCAGAGTGAGACTGCACTGA 5100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5041 GCCAAGATCGCGCACTGCACTCCAGCCTGGGCAGAGTGAGACTGCACTGA 5100

Qy   5101 AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAGAATTCAGCGATCTCAGCTATCATCATGAATGAATACCAGGACAAA 5160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5101 AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAGAATTCAGCGATCTCAGCTATCATCATGAATGAATACCAGGACAAA 5160

Qy   5161 ATATCAAGTGAGGCCACTTATCACTGAAGTAGAAGAATCCTTTAAAAGTTTCTTTCAT 5220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5161 ATATCAAGTGAGGCCACTTATCACTGAAGTAGAAGAATCCTTTAAAAGTTTCTTTCAT 5220

Qy   5221 AGAACATAGCAATAATCACTGAAGCTACCTATCTTCTATAACAATGC 5280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5221 AGAACATAGCAATAATCACTGAAGCTACCTATCTTCTATAACAATGC 5280

Qy   5281 CTCCTAGGTTGACCCAGGTGAAACTGTATTCAATGCACATAA 5340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5281 CTCCTAGGTTGACCCAGGTGAAACTGTATTCAATGCACATAA 5340

Qy   5341 AGGGCAATTTATCTCATCAGAACAAAGAAACATGGTAACAGATAATGTATATTTACATGTG 5400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5341 AGGGCAATTTATCTCATCAGAACAAAGAAACATGGTAACAGATAATGTATATTTACATGTG 5400

Qy   5401 AGGAGAACAAGCTCATCGATCTGTTGTTTTTCGAAAAGGGTATTCCCAATCTTAGG 5460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5401 AGGAGAACAAGCTCATCGATCTGTTGTTTTTCGAAAAGGGTATTCCCAATCTTAGG 5460

Qy   5461 ACACAAAATGGTGTCTCTCTGTAGCTTGTTTTTCTGGCAAGGGTAAACAGATCCCCTCTC 5520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5461 ACACAAAATGGTGTCTCTCTGTAGCTTGTTTTTCTGGCAAGGGTAAACAGATCCCCTCTC 5520

Qy   5521 AACCTATAGAAGGAAGTGAAAGTTCCAGTCTTCCTGGCAAGGGTAAACAGATCCCCTCTC 5580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||

```
Qy    5581 CTCATCCTTCCTCTTTCCTGTCAAGTGCCTCCTTTGGTGAAGGTGACACATCATGTGACC 5640
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    5581 CTCATCCTTCCTCTTTCCTGTCAAGTGCCTCCTTTGGTGAAGGTGACACATCATGTGACC 5640

Qy    5641 TCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGGGCCTTGAACTACTACCCCCAGAACATCACCATG 5700
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    5641 TCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGGGCCTTGAACTACTACCCCCAGAACATCACCATG 5700

Qy    5701 AAGTGGCTGAAGGATAAGCAGCCAATGGATGCCAAGGAGTTCGAACCTAAAGACGTATTG 5760
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    5701 AAGTGGCTGAAGGATAAGCAGCCAATGGATGCCAAGGAGTTCGAACCTAAAGACGTATTG 5760

Qy    5761 CCCAATGGGGATGGACCTACCAGGGCTGGATAACCTTGGCTGTACCCCCTGGGGAAGAG 5820
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    5761 CCCAATGGGGATGGACCTACCAGGGCTGGATAACCTTGGCTGTACCCCCTGGGGAAGAG 5820

Qy    5821 CAGAGATATACGTACCAGGTGGAGCACCCAGGCCTGGATCAGCCCCTCATTGTGATCTGG 5880
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    5821 CAGAGATATACGTACCAGGTGGAGCACCCAGGCCTGGATCAGCCCCTCATTGTGATCTGG 5880

Qy    5881 GGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGCTGAGAAAATCTATTGGGGGTTGAGAGGAGTGCC 5940
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    5881 GGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGCTGAGAAAATCTATTGGGGGTTGAGAGGAGTGCC 5940

Qy    5941 TGAGGAGGTAATTATGGCAGTGAGATGAGGATCTGCTCTTTGTTAGGGGGTGGGCTGAGG 6000
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    5941 TGAGGAGGTAATTATGGCAGTGAGATGAGGATCTGCTCTTTGTTAGGGGGTGGGCTGAGG 6000

Qy    6001 GTGGCAATCAAAGGCTTTAACTTGCTTTTTCTGTTTTAGAGCCCTCACCGTCTGGCACCC 6060
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6001 GTGGCAATCAAAGGCTTTAACTTGCTTTTTCTGTTTTAGAGCCCTCACCGTCTGGCACCC 6060

Qy    6061 TAGTCATTGGAGTCATCAGTGGAATTGCTGTTTTTGTCGTCATCTTGTTCATTGGAATTT 6120
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6061 TAGTCATTGGAGTCATCAGTGGAATTGCTGTTTTTGTCGTCATCTTGTTCATTGGAATTT 6120

Qy    6121 TGTTCATAATATTAAGGAAGAGGCAGGGTTCAAGTGAGTAGGAACAAGGGGGAAGTCTCT 6180
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6121 TGTTCATAATATTAAGGAAGAGGCAGGGTTCAAGTGAGTAGGAACAAGGGGGAAGTCTCT 6180

Qy    6181 TAGTACCTCTGCCCCAGGGCACAGTGGGAAGAGGGGCAGAGGGGATCTGGCATCCATGGG 6240
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6181 TAGTACCTCTGCCCCAGGGCACAGTGGGAAGAGGGGCAGAGGGGATCTGGCATCCATGGG 6240

Qy    6241 AAGCATTTTTCTCATTTATATTCTTTGGGGACACCAGCAGCTCCCTGGGAGACAGAAAAT 6300
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6241 AAGCATTTTTCTCATTTATATTCTTTGGGGACACCAGCAGCTCCCTGGGAGACAGAAAAT 6300

Qy    6301 AATGGTTCTCCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCAACAAACATCTTCAGAGCACCTACTAT 6360
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6301 AATGGTTCTCCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCAACAAACATCTTCAGAGCACCTACTAT 6360

Qy    6361 TTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTAGTACAGGGGCTTTGAGGTTGAGAAGTCACTGTGGCTAT 6420
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6361 TTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTAGTACAGGGGCTTTGAGGTTGAGAAGTCACTGTGGCTAT 6420

Qy    6421 TCTCAGAACCCAAATCTGGTAGGGAATGAAATTGATAGCAAGTAAATGTAGTTAAAGAAG 6480
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6421 TCTCAGAACCCAAATCTGGTAGGGAATGAAATTGATAGCAAGTAAATGTAGTTAAAGAAG 6480

Qy    6481 ACCCCATGAGGTCCTAAAGCAGGCAGGAAGCAAATGCTTAGGGTGTCAAAGGAAAGAATG 6540
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6481 ACCCCATGAGGTCCTAAAGCAGGCAGGAAGCAAATGCTTAGGGTGTCAAAGGAAAGAATG 6540

Qy    6541 ATCACATTCAGCTGGGGATCAAGATAGCCTTCTGGATCTTGAAGGAGAAGCTGGATTCCA 6600
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6541 ATCACATTCAGCTGGGGATCAAGATAGCCTTCTGGATCTTGAAGGAGAAGCTGGATTCCA 6600

Qy    6601 TTAGGTGAGGTTGAAGATGATGGGAGGTCTACACAGACGGAGCAACCATGCCAAGTAGGA 6660
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6601 TTAGGTGAGGTTGAAGATGATGGGAGGTCTACACAGACGGAGCAACCATGCCAAGTAGGA 6660

Qy    6661 GAGTATAAGGCATACTGGGAGATTAGAAATAATTACTGTACCTTAACCCTGAGTTTGCGT 6720
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6661 GAGTATAAGGCATACTGGGAGATTAGAAATAATTACTGTACCTTAACCCTGAGTTTGCGT 6720

Qy    6721 AGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCTACCCCCTGAACATCTGTGGTGTAGGGAAAAGA 6780
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6721 AGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCTACCCCCTGAACATCTGTGGTGTAGGGAAAAGA 6780

Qy    6781 GAATCAGAAAGAAGCCAGCTCATACAGAGTCCAAGGGTCTTTTGGGATATTGGGTTATGA 6840
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6781 GAATCAGAAAGAAGCCAGCTCATACAGAGTCCAAGGGTCTTTTGGGATATTGGGTTATGA 6840

Qy    6841 TCACTGGGGTGTCATTGAAGGATCCTAAGAAAGGAGGACCACGATCTCCCTTATATGGTG 6900
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6841 TCACTGGGGTGTCATTGAAGGATCCTAAGAAAGGAGGACCACGATCTCCCTTATATGGTG 6900

Qy    6901 AATGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGAGGTGAGGAGACCAGTTAGAAAGCCAATAAGCAT 6960
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6901 AATGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGAGGTGAGGAGACCAGTTAGAAAGCCAATAAGCAT 6960

Qy    6961 TTCCAGATGAGAGATAATGGTTCTTGAAATCCAATAGTGCCCAGGTCTAAATTGAGATGG 7020
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6961 TTCCAGATGAGAGATAATGGTTCTTGAAATCCAATAGTGCCCAGGTCTAAATTGAGATGG 7020

Qy    7021 GTGAATGAGGAAAATAAGGAAGAGAGAAGAGGCAAGATGGTGCCTAGGTTTGTGATGCCT 7080
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    7021 GTGAATGAGGAAAATAAGGAAGAGAGAAGAGGCAAGATGGTGCCTAGGTTTGTGATGCCT 7080

Qy    7081 CTTTCCTGGGTCTCTTGTCTCCACAGGAGGAGCCATGGGGCACTACGTCTTAGCTGAACG 7140
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    7081 CTTTCCTGGGTCTCTTGTCTCCACAGGAGGAGCCATGGGGCACTACGTCTTAGCTGAACG 7140

Qy    7141 TGAGTGACACGCAGCCTGCAGACTCACTGTGGGAAGGAGACAAAACTAGAGACTCAAAGA 7200
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    7141 TGAGTGACACGCAGCCTGCAGACTCACTGTGGGAAGGAGACAAAACTAGAGACTCAAAGA 7200

Qy    7201 GGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCATGTTTCAGGAGAGAGTTGAACCTAAACATAGAAATT 7260
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    7201 GGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCATGTTTCAGGAGAGAGTTGAACCTAAACATAGAAATT 7260

Qy    7261 GCCTGACGAACTCCTTGATTTAGCCTTCTCTGTTCATTTCCTCAAAAAGATTTCCCCAT 7320
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    7261 GCCTGACGAACTCCTTGATTTAGCCTTCTCTGTTCATTTCCTCAAAAAGATTTCCCCAT 7320

Qy    7321 TTAGGTTTCTGAGTTCCTGCATGCCGGTGATCCCTAGCTGTGACCTCTCCCCTGGAACTG 7380
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    7321 TTAGGTTTCTGAGTTCCTGCATGCCGGTGATCCCTAGCTGTGACCTCTCCCCTGGAACTG 7380

Qy    7381 TCTCTCATGAACCTCAAGCTGCATCTAGAGGCTTCCTTCATTTCCTCCGTCACCTCAGAG 7440
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    7381 TCTCTCATGAACCTCAAGCTGCATCTAGAGGCTTCCTTCATTTCCTCCGTCACCTCAGAG 7440

Qy    7441 ACATACACCTATGTCATTTCATTTCCTATTTTTGGAAGAGGACTCCTTAAATTTGGGGGA 7500
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    7441 ACATACACCTATGTCATTTCATTTCCTATTTTTGGAAGAGGACTCCTTAAATTTGGGGGA 7500

Qy    7501 CTTACATGATTCATTTTAACATCTGAGAAAAGCTTTGAACCCTGGGACGTGGCTAGTCAT 7560
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    7501 CTTACATGATTCATTTTAACATCTGAGAAAAGCTTTGAACCCTGGGACGTGGCTAGTCAT 7560

Qy    7561 AACCTTACCAGATTTTTACACATGTATCTATGCATTTTCTGGACCCGTTCAACTTTTCCT 7620
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    7561 AACCTTACCAGATTTTTACACATGTATCTATGCATTTTCTGGACCCGTTCAACTTTTCCT 7620

Qy    7621 TTGAATCCTCTCTCTGTGTTACCCAGTAACTCATCTGTCACCAAGCCTTGGGGATTCTTC 7680
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    7621 TTGAATCCTCTCTCTGTGTTACCCAGTAACTCATCTGTCACCAAGCCTTGGGGATTCTTC 7680

Qy    7681 CATCTGATTGTGATGTGAGTTGCACAGCTATGAAGGCTGTACACTGCACGAATGGAAGAG 7740
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    7681 CATCTGATTGTGATGTGAGTTGCACAGCTATGAAGGCTGTACACTGCACGAATGGAAGAG 7740

Qy    7741 GCACCTGTCCCAGAAAAAGCATCATGGCTATCTGTGGGTAGTATGATGGGTGTTTTTAGC 7800
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```

```
Db 7741 GCACCTGTCCCAGAGAAAAGCATCATCGGCTATCTGTGGGTAGTATGATGGGTGTTTTTAGC 7800

Qy 7801 AGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGGTTGTGAAGAGGTGTTTTTCTAATTGGCATGA 7860
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 7801 AGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGGTTGTGAAGAGGTGTTTTTCTAATTGGCATGA 7860

Qy 7861 AGGTGTCATACAGATTTGCAAAGTTAATGTGCCTTCATTTGGGATGCTACTCTAGTAT 7920
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 7861 AGGTGTCATACAGATTTGCAAAGTTAATGTGCCTTCATTTGGGATGCTACTCTAGTAT 7920

Qy 7921 TCCAGACCTGAAGAATCACAATAATTTTCTACCTGGTCTCTCCTTGTTCTGATAATGAAA 7980
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 7921 TCCAGACCTGAAGAATCACAATAATTTTCTACCTGGTCTCTCCTTGTTCTGATAATGAAA 7980

Qy 7981 ATTATGATAAGGATGATAAAAGCACTTACTTCGTGTCCGACTCTTCTGAGCACCTACTTA 8040
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 7981 ATTATGATAAGGATGATAAAAGCACTTACTTCGTGTCCGACTCTTCTGAGCACCTACTTA 8040

Qy 8041 CATGCATTACTGCACTTCTTACAATAATTCTATGAGATAGGTACTATTATCCCCAT 8100
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 8041 CATGCATTACTGCACTTCTTACAATAATTCTATGAGATAGGTACTATTATCCCCAT 8100

Qy 8101 TTCTTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGTAGGCCGGCACGGTGGCTCACGCCTGTAATCCC 8160
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 8101 TTCTTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGTAGGCCGGCACGGTGGCTCACGCCTGTAATCCC 8160

Qy 8161 AGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGGTGGATCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCCTGGC 8220
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 8161 AGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGGTGGATCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCCTGGC 8220

Qy 8221 TAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGCAG 8280
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 8221 TAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGCAG 8280

Qy 8281 ACGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGGAAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCATGAACCCAGGAGG 8340
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 8281 ACGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGGAAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCATGAACCCAGGAGG 8340

Qy 8341 CAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTCGCGCCACTGCGCCACTCCAGCCTAGGTGACAGAGTGAGA 8400
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 8341 CAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTCGCGCCACTGCGCCACTCCAGCCTAGGTGACAGAGTGAGA 8400

Qy 8401 CTCCATCTCAAAAAATAAAAATAAAAATAAAAATAAAAATGAAAAAAAAGAAAGTGAAGTA 8460
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 8401 CTCCATCTCAAAAAATAAAAATAAAAATAAAAATAAAAATGAAAAAAAAGAAAGTGAAGTA 8460

Qy 8461 TAGAGTATATCTCATAGTTTGTCAGTGATGATAGAAACAGGTTTCAAACTTCAGTCAATCTGACCG 8520
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 8461 TAGAGTATATCTCATAGTTTGTCAGTGATGATAGAAACAGGTTTCAAACTTCAGTCAATCTGACCG 8520

Qy 8521 TTTGATACATCTCAGACACTACATTCAGTAGTTTAGATGCCTAGAATAAATAGAGAA 8580
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 8521 TTTGATACATCTCAGACACTACATTCAGTAGTTTAGATGCCTAGAATAAATAGAGAA 8580

Qy 8581 GGAAGGAGATGGCTCTTCTCTTGTCTCATTGTGTTCTCTTGTTTCCTTCTGAGCTTGAATCACAT 8640
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 8581 GGAAGGAGATGGCTCTTCTCTTGTCTCATTGTGTTCTCTTGTTTCCTTCTGAGCTTGAATCACAT 8640

Qy 8641 GAAGGGGAACAGCAGAAAAACAACCACTGATCCTCAGCGTCTGTAATTGGTGGGGACAGCTAGTGGCCCTGCTGGGC 8700
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 8641 GAAGGGGAACAGCAGAAAAACAACCACTGATCCTCAGCGTCTGTAATTGGTGGGGACAGCTAGTGGCCCTGCTGGGC 8700

Qy 8701 CCTGAGGAAGTGCCTCCTCCCCTAGCCACGTGAATGACTCCCCTTGCTCTCTGTTGCTCTCTGCTCTTTGGCATTCA 8760
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 8701 CCTGAAGGAAGTTCCTGGAATGACTCGACTCCCCTTGCTCTCTGTTGCTCTCTGCTCTTTGGCATTCA 8760

Qy 8761 TTTCTTTGGACCCTACGCAAGGACTGTAATTGGTGGGGACAGCTAGTGGCCCTGCTGGGC 8820
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 8761 TTTCTTTGGACCCTACGCAAGGACTGTAATTGGTGGGGACAGCTAGTGGCCCTGCTGGGC 8820

Qy 8821 TTCACACACGGTGTCCTCCCCTAGGCCATGTCCTCTGGAGTCAGAACTCTGGTGTATTTC 8880
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 8821 TTCACACACGGTGTCCTCCCCTAGGCCATGTCCTCTGGAGTCAGAACTCTGGTGTATTTC 8880
```

```
Qy  8881 CCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCTCATTTGAGATGGTATAATGGAAGCCACCAAGTG 8940
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8881 CCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCTCATTTGAGATGGTATAATGGAAGCCACCAAGTG 8940

Qy  8941 GCTTAGAGGATGCCCAGGTCCTTCCATGGAGCCACTGGGGTTCCGGTGCACATTAAAAAA 9000
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8941 GCTTAGAGGATGCCCAGGTCCTTCCATGGAGCCACTGGGGTTCCGGTGCACATTAAAAAA 9000

Qy  9001 AAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCTAGATTCTGGCAAATCAGTTCACCATGTTCA 9060
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9001 AAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCTAGATTCTGGCAAATCAGTTCACCATGTTCA 9060

Qy  9061 AAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTGAGACTCATTGCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCATGAT 9120
         |||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9061 AAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTTTGAGACTCATTGCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCATGAT 9120

Qy  9121 CTCGGCTCACTGTACCCTCCTCCCAGGTGTAACCTGCCGATTCCTCCTGTCTCAGCCTCCCA 9180
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9121 CTCGGCTCACTGTAACCTGCTAACCTGCCGATTCCTCCTGTCTCAGCCTCCCA 9180

Qy  9181 AGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCCACCATGCCCGGCTAATTTTGTATTTTTAGTAGA 9240
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9181 AGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCATGCCCGGCTAATTTTGTATTTTTAGTAGA 9240

Qy  9241 GACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCTCCGTGATCCGCC 9300
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9241 GACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCTCCGTGATCCGCC 9300

Qy  9301 TGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGTGTGAGCCACCGCCAGCCGTCAAA 9360
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9301 TGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGTGTGAGCCACCGCCAGCCGTCAAA 9360

Qy  9361 AGAGTCTTAATATATATATATCCAGATGGCATGTGTTACTTATGTTACTACATGCCACTTG 9420
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9361 AGAGTCTTAATATATATATATCCAGATGGCATGTGTTACTTATGTTACTACATGCCACTTG 9420

Qy  9421 GCTGCATAAATGTGGTACAAGCATTCTGTCTGGCTTCAGGATACCATAT 9480
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9421 GCTGCATAAATGTGGTACAAGCATTCTGTCTGGCTTCAGGATACCATAT 9480

Qy  9481 ACAGCTCAGAAGTTCTTCTTTAGGCATTAAATTTAGCAAAGATATCTCATCTCTTCTT 9540
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9481 ACAGCTCAGAAGTTCTTCTTTAGGCATTAAATTTAGCAAAGATATCTCATCTCTTCTT 9540

Qy  9541 TTAAACCATTTTCTTTTTTGTGGTTAGAAAAGTATGTAGAAAAAGTAAATGTGATTT 9600
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9541 TTAAACCATTTTCTTTTTTTGTGGTTAGAAAAGTATGTAGAAAAAGTAAATGTGATTT 9600

Qy  9601 ACGGCTCATTGTAGAAAATGAATAAAAATGAATACAATTAAAGCTGTTTATTTAATTAGCCAG 9660
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9601 ACGGCTCATTGTAGAAAATGAATAAAAATGAATACAATTAAAGCTGTTTATTTAATTAGCCAG 9660

Qy  9661 TGAAAAACTATTAACAACTGTCTATTACCTGTTAGTATTATTGTTGCATTAAAAATGCA 9720
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9661 TGAAAAACTATTAACAACTGTCTATTACCTGTTAGTATTATTGTTGCATTAAAAATGCA 9720

Qy  9721 TATACTTTAATTAAAATGTATATTGTATTGTTATTGTATACTGCATGATCATTATTGAAGTTCTTGTTC 9780
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9721 TATACTTTAATTAAAATGTATATTGTATTGTTATTGTATACTGCATGATCATTATTGAAGTTCTTGTTC 9780

Qy  9781 ATCTTGTATATTACTTAATCGCTTTGTCATTTGTGTTCATTTGGAGACATTATTTGCTTCTAATTT 9840
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9781 ATCTTGTATATTACTTAATCGCTTTGTCATTTGTCATTTGGAGACATTATTTGCTTCTAATTT 9840

Qy  9841 CTTTACATTTTGTCTTACGGAATATTTCATTCAACTGTGTAGCCGAATTAATCGTGTT 9900
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9841 CTTTACATTTTGTCTTACGGAATATTTCATTCAACTGTGTAGCCGAATTAATCGTGTT 9900

Qy  9901 TCTTCACTCTAGGGACATTGCCGTCTAAGTTGTAAGACAATGGTATTTACCAGCAAAC 9960
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9901 TCTTCACTCTAGGGACATTGCCGTCTAAGTTGTAAGACAATGGTATTTACCAGCAAAC 9960
```

```
Qy   9961  CATTCTGAAAGCATATGACAAATATTTCTCTCTTAATATCTTACTATACTGAAAGCAGA  10020
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9961  CATTCTGAAAGCATATGACAAATATTTCTCTCTTAATATCTTACTATACTGAAAGCAGA  10020

Qy  10021  CTGCTATAAGGCTTCACTTACTCTTCTCACCTACTCATAAGGAATATGTTACAATTAATTTATT  10080
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10021  CTGCTATAAGGCTTCACTTACTCTTCTCACCTACTCATAAGGAATATGTTACAATTAATTTATT  10080

Qy  10081  AGGTAAGCATTTGTTTTATATTGGTTTTATTCACCTGGCTGAGATTTCAAGAAACACC  10140
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10081  AGGTAAGCATTTGTTTTATATTGGTTTTATTCACCTGGCTGAGATTTCAAGAAACACC  10140

Qy  10141  CCAGTGCTTCACAGTAACACATTTCACTAACACATTTACTAAAACATCAGCAACTGTGGCCT  10200
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10141  CCAGTGCTTCACAGTAACACATTTCACTAACACATTTACTAAAACATCAGCAACTGTGGCCT  10200

Qy  10201  GTTAATTTTTTTAATAGAAATTTAAGTCCTCATTTCTTCGGTGTTTTTTAAGCTTAA  10260
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10201  GTTAATTTTTTTAATAGAAATTTAAGTCCTCATTTCTTCGGTGTTTTTTAAGCTTAA  10260

Qy  10261  TTTTTCTGGCTTTATTCATAAATTCTTAAGGTCAACTACATTGAAAAATCAAAGACCTG  10320
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10261  TTTTTCTGGCTTTATTCATAAATTCTTAAGGTCAACTACATTGAAAAATCAAAGACCTG  10320

Qy  10321  CATTTAAATTCTTATTCACCTCTGGCAAAACCATTCACAAACCATGTGTAGTAAAGAGAA  10380
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10321  CATTTAAATTCTTATTCACCTCTGGCAAAACCATTCACAAACCATGTGTAGTAAAGAGAA  10380

Qy  10381  GGGTGACACCTGGTGGCCATAGGTAAATGTACCACGGTGGTCCGGTGACCAGAGATGCAG  10440
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10381  GGGTGACACCTGGTGGCCATAGGTAAATGTACCACGGTGGTCCGGTGACCAGAGATGCAG  10440

Qy  10441  CGCTGAGGGTTTCCTGAAGGTAAAGGAATAAAGAAATGGGTGGAGGGCGTGAGGGGCTGCACTGGAA  10500
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10441  CGCTGAGGGTTTCCTGAAGGTAAAGGAATAAAGAAATGGGTGGAGGGCGTGAGGGGCTGCACTGGAA  10500

Qy  10501  ATCACTTGTAGAGAAAAGCCCCTGAAAATTTGAGAAAAACAAGAAAACTACTTACCAG  10560
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10501  ATCACTTGTAGAGAAAAGCCCCTGAAAATTTGAGAAAAACAAGAAAACTACTTACCAG  10560

Qy  10561  CTATTTGAATTGCTGGAATCACAGGCCATTCACAGGCCATTGCTGAGCTGCCTGAGCTGCCTGGAACACAACAG  10620
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10561  CTATTTGAATTGCTGGAATCACAGGCCATTGCTGAGCTGCCTGAGCTGCCTGGAACACAACAG  10620

Qy  10621  AAGGAAAACAAAACCACCTGATAAATCATTGAGTCAAGTACAGCCAGTGATTGAGGACTGC  10680
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10621  AAGGAAAACAAAACCACCTGATAATCATTGAGTCAAGTACAGCCAGTGATTGAGGACTGC  10680

Qy  10681  TGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTTATGTTGTATTATAATAATGTCATCTTATAATACTGT  10740
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10681  TGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTTATGTTGTATTATAATAATGTCATCTTATAATACTGT  10740

Qy  10741  CAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAAACTCACACACATTTAAAAACAAAACACTGTCTC  10800
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10741  CAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAAACTCACACACATTTAAAAACAAAACACTGTCTC  10800

Qy  10801  TAAAATCCCCAAATTTTTCATAAAC  10825
           |||||||||||||||||||||||||
Db  10801  TAAAATCCCCAAATTTTTCATAAAC  10825
```

RESULT 4
US-08-652-265-1
; Sequence 1, Application US/08652265
; Patent No. 6025130
GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Thomas, Winston J.
; APPLICANT: Drayna, Dennis T.
; APPLICANT: Feder, John N.
; APPLICANT: Gnirke, Andreas
; APPLICANT: Ruddy, David
; APPLICANT: Tsuchihashi, Zenta
; APPLICANT: Wolff, Roger K.

; TITLE OF INVENTION: Hereditary Hemochromatosis Gene
; NUMBER OF SEQUENCES: 44
; CORRESPONDENCE ADDRESS:
; ADDRESSEE: Townsend and Townsend and Crew LLP
; STREET: Two Embarcadero Center, Eighth Floor
; CITY: San Francisco
; STATE: California
; COUNTRY: USA
; ZIP: 94111-3834
; COMPUTER READABLE FORM:
; MEDIUM TYPE: Floppy disk
; COMPUTER: IBM PC compatible
; OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
; SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.30
; CURRENT APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: US/08/652,265
; FILING DATE: 23-MAY-1996
; CLASSIFICATION: 514
; ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
; NAME: Smith, William M.
; REGISTRATION NUMBER: 30,223
; REFERENCE/DOCKET NUMBER: 17957-000500
; TELECOMMUNICATION INFORMATION:
; TELEPHONE: (415) 576-0200
; TELEFAX: (415) 576-0300
; INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1:
; SEQUENCE CHARACTERISTICS:
; LENGTH: 10825 base pairs
; TYPE: nucleic acid
; STRANDEDNESS: single
; TOPOLOGY: linear
; MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
; FEATURE:
; NAME/KEY: CDS
; LOCATION: join(361..436, 3762..4025, 4235..4510, 5606..5881,
; LOCATION: 6040..6153, 7107..7147)
; OTHER INFORMATION: /product= "Hereditary Hemochromatosis
; OTHER INFORMATION: /note= "No. 6025130mal or wild-type (unaffected)
; OTHER INFORMATION: Hereditary Hemochromatosis (HH) gene
; OTHER INFORMATION: allele"
; FEATURE:
; NAME/KEY: -
; LOCATION: 140..7319
; OTHER INFORMATION: /note= "start and stop positions for
; OTHER INFORMATION: normal or wild-type (unaffected) allele
; OTHER INFORMATION: cDNA (SEQ ID NO:9)"
; FEATURE:
; NAME/KEY: -
; LOCATION: 3852..3891
; OTHER INFORMATION: /note= "start and stop positions for
; OTHER INFORMATION: normal or wild-type (unaffected) genomic
; OTHER INFORMATION: sequence surrounding variant for 24d2(C)
; OTHER INFORMATION: allele (SEQ ID NO:41)"
; FEATURE:
; NAME/KEY: allele
; LOCATION: replace(3872, "c")
; OTHER INFORMATION: /phenotype= "normal or wild-type
; OTHER INFORMATION: (unaffected)"
; OTHER INFORMATION: /label= 24d2
; FEATURE:
; NAME/KEY: -
; LOCATION: 5507..6023
; OTHER INFORMATION: /note= "start and stop positions for
; OTHER INFORMATION: normal or wild-type (unaffected) genomic
; OTHER INFORMATION: sequence surrounding variant for 24d1(G)
; OTHER INFORMATION: allele (SEQ ID NO:20)"
; FEATURE:
; NAME/KEY: allele
; LOCATION: replace(3878, "a")
; OTHER INFORMATION: /phenotype= "normal or wild-type
; OTHER INFORMATION: (unaffected)"
; OTHER INFORMATION: /label= 24d7

```
;
;       FEATURE:
;       NAME/KEY:        allele
;       LOCATION:        replace(5834, "g")
;       OTHER INFORMATION: /phenotype= "normal or wild-type
;       OTHER INFORMATION: (unaffected)"
US-08-652-265-1          OTHER INFORMATION: /label= 24d1

Query Match         100.0%;  Score 10823.4;  DB 3;  Length 10825;
Best Local Similarity  100.0%;  Pred. NO. 0;
Matches 10824;  Conservative  0;  Mismatches  0;  Indels  1;  Gaps  0;
```

```
Qy      1 TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTAAATGTATGATTGAATTTTGAAAATCATAAAATATTTA 60
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1 TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTAAATGTATGATTGAATTTTGAAAATCATAAAATATTTA 60

Qy     61 AATAATCTAAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTTCCCCAATCAACACACCCCT 120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     61 AATAATCTAAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTTCCCCAATCAACACACCCCT 120

Qy    121 TCAGGATTTAAAAACCAAGGGGACACTAGTGTTCACAAGCAGGTACCTT 180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    121 TCAGGATTTAAAAACCAAGGGGACACTAGTGTTCACAAGCAGGTACCTT 180

Qy    181 CTGCTGTAGGAGGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTTGCTTTCCACCAGGAAGTT 240
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    181 CTGCTGTAGGAGGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTTGCTTTCCACCAGGAAGTT 240

Qy    241 TTACTGGGCATCTCCTGAGCCTAGGCAATAGCTGTAGGGTGACTTCTGGAGCCATCCCCG 300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    241 TTACTGGGCATCTCCTGAGCCTAGGCAATAGCTGTAGGGTGACTTCTGGAGCCATCCCCG 300

Qy    301 TTTCCCCCGCCGGAGCCCAGGCCAGGCCCGCGTTTGCGCGGACCTGCGCGCCAGAGCTGGGGAA 360
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    301 TTTCCCCCGCCGGAGCCCAGGCCAGGCCCGCGTTTGCGCGGACCTGCGCGCCAGAGCTGGGGAA 360

Qy    361 ATGGGGCCCGCGGAGCCCAGGCCCGGCCGCGCTTCTCCTGAGTGCTTTTGCGGTCCTG 420
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    361 ATGGGGCCCGCGGAGCCCAGGCCCGGCCGCGCTTCTCCTGATGCTTTTGCGGTCCTG 420

Qy    421 CAGGGGGGCGCCTTGCTGCGTGAGTCCGAGGGGTCCGGGCGAACTAGGGGGCGCCGGGGGGGGTG 480
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    421 CAGGGGGGCGCCTTGCTGCGTGAGTCCGAGGGGTCCGGGCGAACTAGGGGGCGCCGGGGGGGGTG 480

Qy    481 GAAAAATCGAAACTAGCTTTTTCTTTGCGGTTGGGAGTTTTCGCTAACTTTGGAGGACCTGC 540
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    481 GAAAAATCGAAACTAGCTTTTTCTTTGCGGTTGGGAGTTTTCGCTAACTTTGGAGGACCTGC 540

Qy    541 TCAACCCTATCCGCAAGCCCCTTCTGCGTCCAGACCCGTGAGGGAGTGC 600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    541 TCAACCCTATCCGCAAGCCCCTTCTGCGTCCAGACCCGTGAGGGAGTGC 600

Qy    601 CTACCACTGAACTGCAGATAGGGGTCCCGCCCCAGGACCTGCCCCCCTCCCCCGGCTGT 660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    601 CTACCACTGAACTGCAGATAGGGGTCCCGCCCCAGGACCTGCCCCCCTCCCCCGGCTGT 660

Qy    661 CCCGGCTCTGCGGAGTGACTTTGGAACCGCCACTCCCTTCCCCCAACTAGAATGCTTT 720
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    661 CCCGGCTCTGCGGAGTGACTTTGGAACCGCCACTCCCTTCCCCCAACTAGAATGCTTT 720

Qy    721 TAAATAAATCTCGTAGTTCCTCACTTGAGCTGAGTTAAGCCTGGGCTCCTTGAACCTGG 780
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    721 TAAATAAATCTCGTAGTTCCTCACTTGAGCTGAGTTAAGCCTGGGCTCCTTGAACCTGG 780

Qy    781 AACTCGGTTTATTTCCAATGTCAGCTGTGCAGTTTTTCCCCAGTCATCTCCAAACAGG 840
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    781 AACTCGGTTTATTTCCAATGTCAGCTGTGCAGTTTTTCCCCAGTCATCTCCAAACAGG 840

Qy    841 AAGTTCTTCCCTGAGTGCTTGCCGAGAAGGCTGAGCAAACCCACAGCAGGATCCCGCACGG 900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    841 AAGTTCTTCCCTGAGTGCTTGCCGAGAAGGCTGAGCAAACCCACAGCAGGATCCCGCACGG 900

Qy    901 GGTTTCCACCTCAGAACGAATGCGTTGGGCGGTGGGGCGGTGGGGGCCGAAAGAGTGGCGTTGGGGA 960
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    901 GGTTTCCACCTCAGAACGAATGCGTTGGGCGGTGGGGCGGTGGGGGCCGAAAGAGTGGCGTTGGGGA 960

Qy    961 TCTGAATTCTTCACCATTCCACCCACTTTGGTGAGACCTGGGGTGGAGGTCTCTAGGGT 1020
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    961 TCTGAATTCTTCACCATTCCACCCACTTTGGTGAGACCTGGGGTGGAGGTCTCTAGGGT 1020

Qy   1021 GGGAGGCTCCTGAGAGGCCTACCTCGGGGCCTTCCCCACTCTTGGCAATTGTTCTTTT 1080
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1021 GGGAGGCTCCTGAGAGGCCTACCTCGGGGCCTTCCCCACTCTTGGCAATTGTTCTTTT 1080

Qy   1081 GCCTGGAAAATTAAGTATATGTTAGTTTGAACGTTTGAACTGAACAATTCTCTTTTCCG 1140
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1081 GCCTGGAAAATTAAGTATATGTTAGTTTGAACGTTTGAACTGAACAATTCTCTTTTCCG 1140

Qy   1141 CTAGGCTTTATTGATTTGCATGTGCTGTGTAATTAAGAGGCCTCTACAAAGTACTGA 1200
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1141 CTAGGCTTTATTGATTTGCATGTGCTGTGTAATTAAGAGGCCTCTACAAAGTACTGA 1200

Qy   1201 TAATGAACATGTAAGCAATGCACTTCACTTCTCAAGTTACATTCATATCTGATCTTATTTGA 1260
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1201 TAATGAACATGTAAGCAATGCACTTCACTTCTCAAGTTACATTCATATCTGATCTTATTTGA 1260

Qy   1261 TTTTCACTAGGCATAGGGAGGTAGGAGCTAATAATACGTTTATTTATTTTACTAGAAGTTAACT 1320
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1261 TTTTCACTAGGCATAGGGAGGTAGGAGCTAATAATACGTTTATTTATTTTACTAGAAGTTAACT 1320

Qy   1321 GGAATTCAGATTATATTAAACTCTTTTCAGGTTACAAAGAACATAAATAATCTGGTTTTCTG 1380
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1321 GGAATTCAGATTATATTAAACTCTTTTCAGGTTACAAAGAACATAAATAATCTGGTTTTCTG 1380

Qy   1381 ATGTTATTTCAAGTACTACAGCCTGCTTCTAATCTTAGTTGACAGTGATTTTGCCCCTGTAG 1440
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1381 ATGTTATTTCAAGTACTACAGCCTGCTTCTAATCTTAGTTGACAGTGATTTTGCCCCTGTAG 1440

Qy   1441 TGTAGCACAGTGTTCTGTGGGTCACAGCCCTCAGCAGCACTTTGAGTTTTGGTA 1500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1441 TGTAGCACAGTGTTCTGTGGGTCACAGCCCTCAGCAGCACTTTGAGTTTTGGTA 1500

Qy   1501 CTACGTGTATCCACATTTTACACATGCTAAAGTGAGTCCCATTGTTGTCACTGGTCAGCCC 1560
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1501 CTACGTGTATCCACATTTTACACATGCTAAAGTGAGTCCCATTGTTGTCACTGGTCAGCCC 1560

Qy   1561 CAAATTTATTCAATGTACACTGGGCTTTGTGGCAGAGCTCATGTCTCCCACTTCATAGC 1620
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1561 CAAATTTATTCAATGTACACTGGGCTTTGTGGCAGAGCTCATGTCTCCCACTTCATAGC 1620

Qy   1621 TATGATTCTTAAACATCACACTGCATTAGAGGTTGAATAATAAAATTTCATGTTGAGCAG 1680
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1621 TATGATTCTTAAACATCACACTGCATTAGAGGTTGAATAATAAAATTTCATGTTGAGCAG 1680

Qy   1681 AAATATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGTCCCATGTGTTGCACTGTTGTCAAGCCC 1740
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1681 AAATATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGTCCCATGTGTTGCACTGTTGTCAAGCCC 1740

Qy   1741 CAAGGGAGAGCAGGGAAACAGTCTTTACCCTTTGATATTTTGCATTCTAGTGGGAGA 1800
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1741 CAAGGGAGAGCAGGGAAACAGTCTTTACCCTTTGATATTTTGCATTCTAGTGGGAGA 1800

Qy   1801 GATGACAATAAGCAAATGAGCGAGAAAGATATACAACATCAGGAAATCATGGGTGTTGTGA 1860
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1801 GATGACAATAAGCAAATGAGCGAGAAAGATATACAACATCAGGAAATCATGGGTGTTGTGA 1860

Qy   1861 GAAGCAGAAGTCAGGGCAAGTCACTCGGGCTGACACTTGAGCAGAGACATGAAGGA 1920
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1861 GAAGCAGAAGTCAGGGCAAGTCACTCGGGCTGACACTTGAGCAGAGACATGAAGGA 1920

Qy   1921 AATAAGAAATGATATTGACTGGGAGCAAACTGAGTGGGCCTTGGCAAG 1980
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1921 AATAAGAAATGATATTGACTGGGAGCAAACTGAGTGGGCCTTGGCAAG 1980

Qy   1981 TTGGATTAAAAAGCGGGTTTTCTCAGCACTACTCATGTGTGTGTGGGGGGGGG 2040
```

```
Db  1981  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
          TTGGATTAAAAAGCGGGTTTTTCTCAGCACTACTCATGTGTGTGTGTGGGGGGGGGG  2040

Qy  2041  CGGCTGGGGTGGGAAGGGGACTACCATCTGCATGTAGGATGTCTAGCAGTATCCTGT  2100
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2041  CGGCTGGGGTGGGAAGGGGACTACCATCTGCATGTAGGATGTCTAGCAGTATCCTGT  2100

Qy  2101  CCTCCCTACTCACTAGTTGCTGCTAGGAGCACTCCCCAGTCTTGACAACCCAAAAATGTCTCT  2160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2101  CCTCCCTACTCACTAGTTGCTGCTAGGAGCACTCCCCAGTCTTGACAACCCAAAAATGTCTCT  2160

Qy  2161  AAACTTTGCCACATGTCACCTAGTAGACAAACTCCTGGTTAAGAAGCTCGGGTTGAAAAA  2220
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2161  AAACTTTGCCACATGTCACCTAGTAGACAAACTCCTGGTTAAGAAGCTCGGGTTGAAAAA  2220

Qy  2221  AATAAACAAGTAGTGCTGGGGAGTAGAGGCCAAGAAGTAGGTAATGGGCTCAGAAGAGGA  2280
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2221  AATAAACAAGTAGTGCTGGGGAGTAGAGGCCAAGAAGTAGGTAATGGGCTCAGAAGAGGA  2280

Qy  2281  GCCACAAACAAGGTTGTGCAGGCGCCCTGTAGGCTGTGGTGTGAATTCTTAGCCAAGGAGTA  2340
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2281  GCCACAAACAAGGTTGTGCAGGCGCCCTGTAGGCTGTGGTGTGAATTCTTAGCCAAGGAGTA  2340

Qy  2341  ACAGTGATCTGTCACAGGCTTTTAAAAGATTGCTCTGGCTGCTATGTGAAAGCAGAATG  2400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2341  ACAGTGATCTGTCACAGGCTTTTAAAAGATTGCTCTGGCTGCTATGTGAAAGCAGAATG  2400

Qy  2401  AAGGGAGCAACAGTAAAAGCAGGGAGCCCAGCCAGGGAACAGAAAAAGGGAGTGACAAACCATTGTCCTCCTGAA  2460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2401  AAGGGAGCAACAGTAAAAGCAGGGAGCCCAGCCAGGGAACAGAAAAAGGGAGTGACAAACCATTGTCCTCCTGAA  2460

Qy  2461  AGTTAGTGAGTGGGCTGGGTGGGCTGGGTGGGGTGCTATGTTGTGTGAAGGAGAAGAATTGG  2520
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2461  AGTTAGTGAGTGGGCTGGGTGGGCTGGGTGGGGTGCTATGTTGTGTGAAGGAGAAGAATTGG  2520

Qy  2521  TATATTCTGAAGGAGTTGCTGAAGGATTCTATGTTGTGTGAGAGAGAAGAATTGG  2580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2521  TATATTCTGAAGGAGTTGCTGAAGGATTCTATGTTGTGTGAGAGAGAAGAATTGG  2580

Qy  2581  CTGGGTGTAGTAGTCTCATGCCAAGGAGGCCAAGGACAGATTCCTGAGCTCAGGA  2640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2581  CTGGGTGTAGTAGTCTCATGCCAAGGAGGCCAAGGACAGATTCCTGAGCTCAGGA  2640

Qy  2641  GTTCAAGACCAGCCAGGCAACACAGCAAAACCCCTGTCTCCTACAAAAATACAAAAAAATTA  2700
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2641  GTTCAAGACCAGCCAGGCAACACAGCAAAACCCCTGTCTCCTACAAAAATACAAAAAAATTA  2700

Qy  2701  GCTGGGGTGTGGTGGCATGCACCTGTAGTCCTAGCTACTCGGGAGGCTGAGGTGGAGGTA  2760
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2701  GCTGGGGTGTGGTGGCATGCACCTGTAGTCCTAGCTACTCGGGAGGCTGAGGTGGAGGGTA  2760

Qy  2761  TTGCTTGAGCCCAGGAAGTTTGAGCTGCAGTGAGCCATGACTGCCCACTGTACTTCAGC  2820
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2761  TTGCTTGAGCCCAGGAAGTTTGAGCTGCAGTGAGCCATGACTGCCCACTGTACTTCAGC  2820

Qy  2821  CTAGGTGACAGAGCAAGACCCTGTCTCCCCTGACCCCTGAAAAAGAGAAGAGAGTAAAGT  2880
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2821  CTAGGTGACAGAGCAAGACCCTGTCTCCCCTGACCCCTGAAAAAGAGAAGAGAGTAAAGT  2880

Qy  2881  TGACTTTGTTCTTTATTTATTTTAATTTTATTGGCCTGAGCAGTGGGCTGAGTGGCAATGCCAT  2940
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2881  TGACTTTGTTCTTTATTTATTTTAATTTTATTGGCCTGAGCAGTGGGCTGAGTGGCAATGCCAT  2940

Qy  2941  TTCTGAGATGGTGAAGGCAGAGGAAAAGAGCAGTTTGGGGTAAATCAAGGATCTGCATTTG  3000
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2941  TTCTGAGATGGTGAAGGCAGAGGAAAAGAGCAGTTTGGGGTAAATCAAGGATCTGCATTTG  3000

Qy  3001  GGACATGTTAAGTTTGAGATTTGAGATCTTCCAGTGGTGAGGCTTCCAAGTGGTGAGGCCCACATAGGCAGTT  3060
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3001  GGACATGTTAAGTTTGAGATTTGAGATCTTCCAGTGGTGAGGCTTCCAAGTGGTGAGGCCCACATAGGCAGTT  3060

Qy  3061  CAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGGCACGGTGGCTCACTCTGTAATCCCAGCACT  3120
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db  3061  CAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGGCACGGTGGCTCACTCTGTAATCCCAGCACT  3120

Qy  3121  TTGGTGGCTGAGGCAGGCAGTAGATCATTGAGGTCAGGAGTTTGAGACAAGCTTGGCCAACA  3180
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3121  TTGGTGGCTGAGGCAGGCAGTAGATCATTGAGGTCAGGAGTTTGAGACAAGCTTGGCCAACA  3180

Qy  3181  TGGTGAAACCCCATGTCTACTAAAAATACAAAAATTAGCCTGGTGTGGTGGCGCACGCCT  3240
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3181  TGGTGAAACCCCATGTCTACTAAAAATACAAAAATTAGCCTGGTGTGGTGGCGCACGCCT  3240

Qy  3241  ATAGTCCCAGGTTTCAGGAGGCTTAGGTGAGGAGAATCCCTTGAACCCAGGAGGTGCAGG  3300
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3241  ATAGTCCCAGGTTTCAGGAGGCTTAGGTGAGGAGAATCCCTTGAACCCAGGAGGTGCAGG  3300

Qy  3301  TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGATGAGTGAGACTCTGT  3360
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3301  TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGATGAGTGAGACTCTGT  3360

Qy  3361  CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATTTGGG  3420
          |||||||||||||||          ||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3361  CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATTTGGG  3420

Qy  3421  TCTAATTTGCCCTGAGCACCAACTCCTCGAGTTCAACTACCATGGCTAGCACACCTTAAC  3480
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3421  TCTAATTTGCCCTGAGCACCAACTCCTCGAGTTCAACTACCATGGCTAGCACACCTTAAC  3480

Qy  3481  ATTTTCTAGAATCCACCAGCTTTAGTGGAGTCTGCTCTAATCATGGAGTATTGGAATAGGAT  3540
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3481  ATTTTCTAGAATCCACCAGCTTTAGTGGAGTCTGCTCTAATCATGGAGTATTGGAATAGGAT  3540

Qy  3541  CTGGGGCAGTGAGGGGGTGGCAGCCACGTGTGGCAGAGAAAAGCACACAAGAGAGC  3600
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3541  CTGGGGCAGTGAGGGGGTGGCAGCCACGTGTGGCAGAGAAAAGCACACAAGAGAGC  3600

Qy  3601  ACCCAGGACTGTCATATGGAAGAAAGACAGGACTGCAACTCACCCTTCACAAAAATGAGGA  3660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3601  ACCCAGGACTGTCATATGGAAGAAAGACAGGACTGCAACTCACCCTTCACAAAAATGAGGA  3660

Qy  3661  CCAGACACAGCTGATGGTATGAGTTGATGCAGGCCAAGGTCGTGTGGAGCCCTCAACATCCTGCTCCC  3720
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3661  CCAGACACAGCTGATGGTATGAGTTGATGCAGGCCAAGGTCGTGTGGAGCCCTCAACATCCTGCTCCC  3720

Qy  3721  CTCCTACTACACATGGTTAAGGCCGTTGCTCTGTCTCCAGGTTCACACTCTCTGACTA  3780
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3721  CTCCTACTACACATGGTTAAGGCCGTTGCTCTGTCTCCAGGTTCACACTCTCTGACTA  3780

Qy  3781  CCTCTTCATGGGTGCCTCAGCAGCAGGACCTTGGCTTCCTTGTTGAAGCTTTGGGCTA  3840
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3781  CCTCTTCATGGGTGCCTCAGCAGCAGGACCTTGGCTTCCTTGTTGAAGCTTTGGGCTA  3840

Qy  3841  CGTGGATGACCAGCTGTTCGTGTTCTATGATCATGAGAGTCGCCGTGTGGAGCCCCGAAC  3900
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3841  CGTGGATGACCAGCTGTTCGTGTTCTATGATCATGAGAGTCGCCGTGTGGAGCCCCGAAC  3900

Qy  3901  TCCATGGGTTTCCAGTAGAATTCAAGCCAGATGTGGCTCAGCTGAGTCAGAGTCTGAA  3960
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3901  TCCATGGGTTTCCAGTAGAATTCAAGCCAGATGTGGCTCAGCTGAGTCAGAGTCTGAA  3960

Qy  3961  AGGGTGGGATCACATGTTCACTGTCTCGGACTATTATGGAAAATCACAACCACAG  4020
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3961  AGGGTGGGATCACATGTTCACTGTCTCGGACTATTATGGAAAATCACAACCACAG  4020

Qy  4021  CAAGGGTATGTGGACAGGGGGCCCTCACCTTCCTCGAGTTGTCAGAGCTTTCATCTTTTC  4080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4021  CAAGGGTATGTGGACAGGGGGCCCTCACCTTCCTCGAGTTGTCAGAGCTTTCATCTTTTC  4080

Qy  4081  ATGCATCTTGAAGGAAACAGCTGGAAGTCTGTGGAGTCTTGTGGGAGTCAGGAGGGAAG  4140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4081  ATGCATCTTGAAGGAAACAGCTGGAAGTCTGTGGAGTCTTGTGGGAGTCAGGAGGGAAG  4140

Qy  4141  GAATTGCTTCCTGAGATCATTTGGTCCTTGGGGATGGTGGAAATAGGGACCTATTCCTT  4200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4141  GAATTGCTTCCTGAGATCATTTGGTCCTTGGGGATGGTGGAAATAGGGACCTATTCCTT  4200
```

```
Qy  4201 TGGTTCGAGTTAACAAGGCTGGGGATTTTCCAGAGTCCCACACCCTGCAGGTCATCCTG 4260
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4201 TGGTTCGAGTTAACAAGGCTGGGGATTTTCCAGAGTCCCACACCCTGCAGGTCATCCTG 4260

Qy  4261 GGCTGTGAAATGCAAGAAGACAACAGTGCCCTGCGAGGGCTACTGGGAAGTACGGGTATGATGGG 4320
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4261 GGCTGTGAAATGCAAGAAGACAACAGTGCCCTGCGAGGGCTACTGGGAAGTACGGGTATGATGGG 4320

Qy  4321 CAGGACCACCTTGAATTCTGCCCTGACACACTGGATTGGAGAGCAGCAGAACCCAGGGCC 4380
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4321 CAGGACCACCTTGAATTCTGCCCTGACACACTGGATTGGAGAGCAGCAGAACCCAGGGCC 4380

Qy  4381 TGGCCCCACAAGCTGAGTGGAAAGGCACACAGATTCGGGCCAGCAGAGGGCCTAC 4440
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4381 TGGCCCCACAAGCTGAGTGGAAAGGCACACAGATTCGGGCCAGCAGAGGGCCTAC 4440

Qy  4441 CTGGAGGAGGACTGCCCTGCACAGCTGCAGCGAGTTGCTGGAGCTGGGGAGGGTGTTTTG 4500
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4441 CTGGAGGAGGACTGCCCTGCACAGCTGCAGCGAGTTGCTGGAGCTGGGGAGGGTGTTTTG 4500

Qy  4501 GACCAACAAGGTATGGTGGAAACACACTTCTGCCCCTATACTCTAGTGGCCAGAGTGGAGG 4560
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4501 GACCAACAAGGTATGGTGGAAACACACTTCTGCCCCTATACTCTAGTGGCCAGAGTGGAGG 4560

Qy  4561 AGGTTGCAGGGCACGGAATCCCTGGTTGGAGTTTCAGAGGTGGCTGAGCGTGTGCCCTC 4620
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4561 AGGTTGCAGGGCACGGAATCCCTGGTTGGAGTTTCAGAGGTGGCTGAGCGTGTGCCCTC 4620

Qy  4621 TCCAAATTCTGGGAAGGGACTTTCTCAATCCTAGAGTCTCTACCTTATAATTGACGATGTA 4680
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4621 TCCAAATTCTGGGAAGGGACTTTCTCAATCCTAGAGTCTCTACCTTATAATTGACGATGTA 4680

Qy  4681 TGAGACAGCCACAAGTCATGGTTTTATTTCTTTTCTCCATGCATATGGCTCAAAGGGAA 4740
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4681 TGAGACAGCCACAAGTCATGGTTTTATTTCTTTTCTCCATGCATATGGCTCAAAGGGAA 4740

Qy  4741 GTGTCTATGGCCCTTGCTTTTTTATTTAACCAATAATCTTTGTATAATTCTTTGTATATTTTATACCTGTTAA 4800
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4741 GTGTCTATGGCCCTTGCTTTTTTATTTAACCAATAATCTTTGTATAATTCTTTGTATATTTTATACCTGTTAA 4800

Qy  4801 AAATTCAGAAAGTGTCAAGGCCGGGCCACGTGGCTCACCCCTGTAATCCCAGCACTTTGGG 4860
         ||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4801 AAATTCAGAAATGTCAAGGCCGGGCCACGTGGCTCACCCCTGTAATCCCAGCACTTTGGG 4860

Qy  4861 AGGCCGAGGCGGGTCGGTGGTCGTGCTCACGAGGTCAGGAGTTCGAGACCAGCCTGGCCAACATGGTGAA 4920
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4861 AGGCCGAGGCGGGTCGGTGGTCGTGCTCACGAGGTCAGGAGTTCGAGACCAGCCTGGCCAACATGGTGAA 4920

Qy  4921 ACCCGTCTCTAAAAAATACAAAAAATTAGCTGGGTCACGTCATCGCGACCACCTGTAGTCCCA 4980
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4921 ACCCGTCTCTAAAAAATACAAAAAATCAGCTATCAGTCATCGCGACCACCTGTAGTCCCA 4980

Qy  4981 GCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGAGCATCCTTGAACCTGGGAGGCGGAAGTTGCACTGA 5040
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4981 GCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGAGCATCCTTGAACCTGGGAGGCGGAAGTTGCACTGA 5040

Qy  5041 GCCAAGATCCGCGCCACTGCACTCCAGCCTGGGCAGAGTGAGACTCCATCTTAAAAAA 5100
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5041 GCCAAGATCGCGCCACTGCACTCCAGCCTGGGCAGAGTGAGACTCCATCTTAAAAAA 5100

Qy  5101 AAAAAAAAAAAAAAAAAGAGAATTCAGAGATCTCATCATATGAATACCAGGACACAAA 5160
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5101 AAAAAAAAAAAAAAAAAGAGAATTCAGAGATCTCATCATATGAATACCAGGACACAAA 5160

Qy  5161 ATATCAAGTGAGGCCACTTATCAGAGTAGAAGAATCCTTTAGGTTAAAAGTTTCTTTCAT 5220
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5161 ATATCAAGTGAGGCCACTTATCAGAGTAGAAGAATCCTTTAGGTTAAAAGTTTCTTTCAT 5220

Qy  5221 AGAACATAGCAATAATCACTGAAGCTACCTATCTTACACAGTCCGCTTCTTTATAACAATGC 5280
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5221 AGAACATAGCAATAATCACTGAAGCTACCTATCTTACACAGTCCGCTTCTTTATAACAATGC 5280
```

```
Qy  5281 CTCCTAGGTTGACCCAGGTGAAACTGACCATCTGTATTCAATCATTTTCAATGCACATAA 5340
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5281 CTCCTAGGTTGACCCAGGTGAAACTGACCATCTGTATTCAATCATTTTCAATGCACATAA 5340

Qy  5341 AGGGCCAATTTATCTATCAGAACAAAGAACATGGGTAACATGGGTAACAGATATGTATTTACATGTG 5400
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5341 AGGGCCAATTTATCTATCAGAACAAAGAACATGGGTAACATGGGTAACAGATATGTATTTACATGTG 5400

Qy  5401 AGGAGAACAAGCTGATCTGACTGCTCTCCAAGTGACACTCGTGTTAGAGTCCAATCTTAGG 5460
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5401 AGGAGAACAAGCTGATCTGACTGCTCTCCAAGTGACACTCGTGTTAGAGTCCAATCTTAGG 5460

Qy  5461 ACACAAAATGGTGTCTCCTCGTAGCTTGTCTTTTTCTGAAAAGGGTATTTCCTTCCTCC 5520
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5461 ACACAAAATGGTGTCTCCTCGTAGCTTGTCTTTTTCTGAAAAGGGTATTTCCTTCCTCC 5520

Qy  5521 AACCTATAGAAGGAAGTGAAAGTTCCAGTCTTCCTGGCAAGGGTAAACAGATCCCCTCTC 5580
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5521 AACCTATAGAAGGAAGTGAAAGTTCCAGTCTTCCTGGCAAGGGTAAACAGATCCCCTCTC 5580

Qy  5581 CTCATCCTTCCTCTTCTTCCTGTCAAGTGCCCCTTTGGTGAAGGTGCACATCATGTGACC 5640
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5581 CTCATCCTTCCTCTTCTTCCTGTCAAGTGCCCCTTTGGTGAAGGTGCACATCATGTGACC 5640

Qy  5641 TCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGGGCCTTGAACTACTACCCCAGAACATCACCATG 5700
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5641 TCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGGGCCTTGAACTACTACCCCAGAACATCACCATG 5700

Qy  5701 AAGTGGCTGAAGGATAAGCAGCCAATGGAGCCAAGGAGTTCGAACCTAAAGACGTATTG 5760
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5701 AAGTGGCTGAAGGATAAGCAGCCAATGGAGCCAAGGAGTTCGAACCTAAAGACGTATTG 5760

Qy  5761 CCCAATGGGATGGGACCTACCAGGTCTGATAACCTTGCTGCTACCCCTGGGGAAGAG 5820
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5761 CCCAATGGGATGGGACCTACCAGGTCTGATAACCTTGCTGCTACCCCTGGGGAAGAG 5820

Qy  5821 CAGAGATATACGTACCCAGGTGGAGCACCCAGGCTGGATCAGCCCTCATTGTGATCTG 5880
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5821 CAGAGATATACGTACCCAGGTGGAGCACCCAGGCTGGATCAGCCCTCATTGTGATCTGG 5880

Qy  5881 GGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGCTGAGAAATCTATTGGGGGTTGAGAGGAGTGCC 5940
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5881 GGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGCTGAGAAATCTATTGGGGGTTGAGAGGAGTGCC 5940

Qy  5941 TGAGGAGGTAATTATGGCAGTGAGATGAGGATCGTCTCTTGTTTTTGTCGTCATTGGAATT 6000
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5941 TGAGGAGGTAATTATGGCAGTGAGATGAGGATCGTCTCTTGTTTTTGTCGTCATTGGAATT 6000

Qy  6001 GTGGCAATCAAAGGCTTTAACTTGCTTTTTCTGTTTCTGTTTTTAGAGCCCTCGGCACCC 6060
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6001 GTGGCAATCAAAGGCTTTAACTTGCTTTTTCTGTTTCTGTTTTTAGAGCCCTCGGCACCC 6060

Qy  6061 TAGTCATTGGAGTCATCAGTGGAATTGCTGTTTTGTCGTCATCTTGTTCATTGGAATTT 6120
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6061 TAGTCATTGGAGTCATCAGTGGAATTGCTGTTTTGTCGTCATCTTGTTCATTGGAATTT 6120

Qy  6121 TGTTCATAATATTAAGGAAGAGGCAGGGTTCAAGTGAGTAGGAACAAGGGGAAGTCTCT 6180
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6121 TGTTCATAATATTAAGGAAGAGGCAGGGTTCAAGTGAGTAGGAACAAGGGGAAGTCTCT 6180

Qy  6181 TAGTACCTCTGCCCCAGGGCACAGTGGGAAGAGGGGCAGAGGGGGATCTGGCATCCATGGG 6240
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6181 TAGTACCTCTGCCCCAGGGCACAGTGGGAAGAGGGGCAGAGGGGGATCTGGCATCCATGGG 6240

Qy  6241 AAGCATTTTCTCATTTATATTCTTTGGGACACCAGCAGCTCCCTGGGAGCAGACAGAAAT 6300
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6241 AAGCATTTTCTCATTTATATTCTTTGGGACACCAGCAGCTCCCTGGGAGCAGACAGAAAT 6300

Qy  6301 AATGGTTCTCCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCAACAAACATCTTCAGAGCACTACTAT 6360
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6301 AATGGTTCTCCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCAACAAACATCTTCAGAGCACTACTAT 6360

Qy  6361 TTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTACAGGGGCTTTGAGGTTGAGAGTCACTGTGGCTAT 6420
```

```
Db  6361  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||  6420
          TTTGCAAGAGCTGTTAAGGTAGTACAGGGGCTTTGAGGTTTGAGCAAGTCACTGTGCTAT
Qy  6421  TTCCAGAACCCAAATCTGTGTAGGGAATGAAATTGATAGCAAGTAAATGTAGTTAAAGAAG  6480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6421  TTCCAGAACCCAAATCTGTGTAGGGAATGAAATTGATAGCAAGTAAATGTAGTTAAAGAAG  6480
Qy  6481  ACCCCATGAGGTCCTAAAGCAGGCAGGAGCAAATGCTTAGGGTGTCAAAGGAAAGAAATG   6540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6481  ACCCCATGAGGTCCTAAAGCAGGCAGGAGCAAATGCTTAGGGTGTCAAAGGAAAGAAATG   6540
Qy  6541  ATCACATTCAGCTGGGGATCAAGATAGCCTTCTGGATCTTGAAGGAGGAAGCTGGATTCCA  6600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6541  ATCACATTCAGCTGGGGATCAAGATAGCCTTCTGGATCTTGAAGGAGGAAGCTGGATTCCA  6600
Qy  6601  TTAGGTGAGGTTGAAGATGATGGGAGGTCTACACAGACGGAGCAACCATGCCAAGTAGGA   6660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6601  TTAGGTGAGGTTGAAGATGATGGGAGGTCTACACAGACGGAGCAACCATGCCAAGTAGGA   6660
Qy  6661  GAGTATAAGGCATACTGGGAGATTAGAAATAATTACTGTACCCCTGAACATCTGACTTTGCGT 6720
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6661  GAGTATAAGGCATACTGGGAGATTAGAAATAATTACTGTACCCCTGAACATCTGTGGTGTAGGGAAAAGA 6720
Qy  6721  AGCTATCACTCACCAAATTATGCATTTCTACCCCCTGAACATCTGTGGTGTAGGGAAAAGA  6780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6721  AGCTATCACTCACCAAATTATGCATTTCTACCCCCTGAACATCTGTGGTGTAGGGAAAAGA  6780
Qy  6781  GAATCAGAAAGAAGAGCCAGCTCATACAGAGTCCAAGGGTCTTTTGGGATATTGGGTTATGA 6840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6781  GAATCAGAAAGAAGAGCCAGCTCATACAGAGTCCAAGGGTCTTTTGGGATATTGGGTTATGA 6840
Qy  6841  TCACTGGGGTGTCATTGAAGGATCCTAAGAAAGGAGGACCACGATCTCCCTTATATGTGTG  6900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6841  TCACTGGGGTGTCATTGAAGGATCCTAAGAAAGGAGGACCACGATCTCCCTTATATGTGTG  6900
Qy  6901  AATGTTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGAGGTGAGGAGACCAGTTAGAAAGCCAATAAGCAT  6960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6901  AATGTTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGAGGTGAGGAGACCAGTTAGAAAGCCAATAAGCAT  6960
Qy  6961  TTTCCAGATGAGAGATAATGGTTCTTGAAATCCAATAGTGCCCAGGTCTAAATTGAGATGG  7020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6961  TTTCCAGATGAGAGATAATGGTTCTTGAAATCCAATAGTGCCCAGGTCTAAATTGAGATGG  7020
Qy  7021  GTGAATGAGGAAAATAAGGAAGAGAGAAGAGGCAAGATGGTGCCTAGGTTTGTGATGCCT   7080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7021  GTGAATGAGGAAAATAAGGAAGAGAGAAGAGGCAAGATGGTGCCTAGGTTTGTGATGCCT   7080
Qy  7081  CTTTCCTGGGTCTCTTGTCTCCCACAGGAGCCACTACGTTCTTAGCTGTTCCTCAGTTGAACG 7140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7081  CTTTCCTGGGTCTCTTGTCTCCCACAGGAGCCACTACGTTCTTAGCTGTTCCTCAGTTGAACG 7140
Qy  7141  TGAGTTTCTGAGTTCCTGAGTCGGTGATCCGTATGAGCCTCTGTCCCCTGGAACCTCTCCCCGTGAACCTG 7200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7141  TGAGTTTCTGAGTTCCTGAGTCGGTGATCCGTATGAGCCTCTGTCCCCTGGAACCTCTCCCCGTGAACCTG 7200
Qy  7201  GGGAGGTGCATTTATGAGCCTTCATGTTTCAGGAGGAGAGTTGAACCTAAACATAGAAATT  7260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7201  GGGAGGTGCATTTATGAGCCTTCATGTTTCAGGAGGAGAGTTGAACCTAAACATAGAAATT  7260
Qy  7261  GCCTGACGAACTCCTTGATTTTAGCCTTCTTCTGTTCATTTCCTCAAAAAGATTTCCCCAT  7320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7261  GCCTGACGAACTCCTTGATTTTAGCCTTCTTCTGTTCATTTCCTCAAAAAGATTTCCCCAT  7320
Qy  7321  TTAGGTTTCTGAGTTCCTGAGTTCCTGCGCATCGAGGCTTGGGAAGCCTCTGTAGCCTCTGGAACTG 7380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7321  TTAGGTTTCTGAGTTCCTGAGTTCCTGCGCATCGAGGCTTGGGAAGCCTCTGTAGCCTCTGGAACTG 7380
Qy  7381  TCTCTCATGAACCTCAAGCTGCATCTAGAGGCTGCATTTCCTTCCTCCGTCACCTCAGAG   7440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7381  TCTCTCATGAACCTCAAGCTGCATCTAGAGGCTGCATTTCCTTCCTCCGTCACCTCAGAG   7440
Qy  7441  ACATACACCTATGTCATTCATTCCTATTTTTCGGAAGAGGACTCCTTAAATTTGGGGA     7500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db  7441  ACATACACCTATGTCATTCATTCCTATTTTTCGGAAGAGGACTCCTTAAATTTGGGGA     7500
Qy  7501  CTTACATGATTCATTTCATTTAACATCTGAGAAAAGCTTTGAACCCTGGGACGTGGCTAGTCAT 7560
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7501  CTTACATGATTCATTTCATTTAACATCTGAGAAAAGCTTTGAACCCTGGGACGTGGCTAGTCAT 7560
Qy  7561  AACCTTACCAGATTTTTACACATGTATCTATCCATTTCTGCAGTTTCTCGACCCGTTCAACTTTCCT 7620
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7561  AACCTTACCAGATTTTTACACATGTATCTATCATTTCTGCAGTTTCTCGACCCGTTCAACTTTCCT  7620
Qy  7621  TTGAATCCTCTCTCTGTGTTACCCAGTAACTCATCATCTGTCACCAGTTCCTTGGGGATTCTTC  7680
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7621  TTGAATCCTCTCTCTGTGTTACCCAGTAACTCATCATCTGTCACCAGTTCCTTGGGGATTCTTC  7680
Qy  7681  CATCTGATTGTGATGTGAGTGCACAGCTGTGCACAGCTGTGACGAGGCTATGAAGGCTGTACTGAGGGAAGAG 7740
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7681  CATCTGATTGTGATGTGAGTGCACAGCTGTGCACAGCTGTGACGAGGCTATGAAGGCTGTACTGAGGGAAGAG 7740
Qy  7741  GCACCTGTCCCCAGAAAAAGCATCATGCGTATCTGTGGTAGTATGATGGGTGTTTTTTAGC  7800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7741  GCACCTGTCCCCAGAAAAAGCATCATGCGTATCTGTGGTAGTATGATGGGTGTTTTTTAGC  7800
Qy  7801  AGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGGTTGTGAAGAGGGTGTTTTTCTAATTGGCACATGA 7860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7801  AGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGGTTGTGAAGAGGGTGTTTTTCTAATTGGCACATGA 7860
Qy  7861  AGGTGTCATACAGATTTGCAAAGTTTAATGGTGCCTTCATTTGGGATGCTACTCTAGTAT   7920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7861  AGGTGTCATACAGATTTGCAAAGTTTAATGGTGCCTTCATTTGGGATGCTACTCTAGTAT   7920
Qy  7921  TCCAGACCTGAACAATCACAATAATTTTCTACCTGGTCTCTCCTTGTTCTGATAATGAAA    7980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7921  TCCAGACCTGAACAATCACAATAATTTTCTACCTGGTCTCTCCTTGTTCTGATAATGAAA    7980
Qy  7981  ATTATGATAAGGATGATAAAAGCACTTACTTCGTGTCCGACTCTTCTGAGCACCTACTTA    8040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7981  ATTATGATAAGGATGATAAAAGCACTTACTTCGTGTCCGACTCTTCTGAGCACCTACTTA    8040
Qy  8041  CATGCATTACTGCGATGCATGCCACTTCTTACAATAATTCTATGAGATAGGTACTAATATCCCCAT 8100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8041  CATGCATTACTGCGATGCATGCCACTTCTTACAATAATTCTATGAGATAGGTACTAATATCCCCAT 8100
Qy  8101  TTCTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGTGGCCCAAAGCGGGTGGATCACGAGGTCAGGAGATCCCGTGATAATCCC 8160
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8101  TTCTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGTGGCCCAAAGCGGGTGGATCACGAGGTCAGGAGATCCCGTGATAATCCC 8160
Qy  8161  AGCACTTTGGGAGGCCCAAAGCGGGTGGATCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCCTGGC  8220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8161  AGCACTTTGGGAGGCCCAAAGCGGGTGGATCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCCTGGC  8220
Qy  8221  TAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGCAG    8280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8221  TAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGCAG    8280
Qy  8281  ACGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGGAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCATGAACCCAGGAGG    8340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8281  ACGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGGAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCATGAACCCAGGAGG    8340
Qy  8341  CAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGATCGCGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGACAGAGTGAGA   8400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8341  CAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGATCGCGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGACAGAGTGAGA   8400
Qy  8401  CTCCATCTCAAAAAATAAAATAAAAATAAAAATAAAAAAGAAAGAAAGTGAAGTA        8460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8401  CTCCATCTCAAAAAATAAAATAAAAATAAAAATAAAAAAGAAAGAAAGTGAAGTA        8460
Qy  8461  TAGAGTAATCTCATAGTTTGTCAGTGATAGAAACAGGTTTCAAACTCAGTCAATCTGACCG 8520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8461  TAGAGTAATCTCATAGTTTGTCAGTGATAGAAACAGGTTTCAAACTCAGTCAATCTGACCG 8520
Qy  8521  TTTGATACATCTCAGACACCACTACACATTCAGTAGTTTAGATGCCTAGAATAAATAGAGAA 8580
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8521  TTTGATACATCTCAGACACCACTACACATTCAGTAGTTTAGATGCCTAGAATAAATAGAGAA 8580
```

```
Qy    8581  GGAAGGAGATGGCTCTTCTCTTGTCTCATTGTGTTCTTCTGAGTGAGCTTGAATCACAT   8640
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    8581  GGAAGGAGATGGCTCTTCTCTTGTCTCATTGTGTTCTTCTGAGTGAGCTTGAATCACAT   8640

Qy    8641  GAAGGGAACAGCAGAAAACACCAACCAACTGATCCTCAGCTGTCATGTTCCTTAAAAGTC   8700
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    8641  GAAGGGAACAGCAGAAAACACCAACCAACTGATCCTCAGCTGTCATGTTCCTTAAAAGTC   8700

Qy    8701  CCTGAAGGAAGTCCTGGAATGTGACTCCCTTGCCTCTCGTGTGCTCTCTTGGCATTCA    8760
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    8701  CCTGAAGGAAGTCCTGGAATGTGACTCCCTTGCCTCTCGTGTGCTCTCTTGGCATTCA    8760

Qy    8761  TTTCTTTGGACCCTACGCAAGGACTGTAATTGGTGGGGACAGCTAGTGGCCCTGCTGGGC   8820
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    8761  TTTCTTTGGACCCTACGCAAGGACTGTAATTGGTGGGGACAGCTAGTGGCCCTGCTGGGC   8820

Qy    8821  TTCACACCGGTGTCCTCCCCTAGGCCAGTGCCTCTGAGAACTCTGTGGTATTTC        8880
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    8821  TTCACACCGGTGTCCTCCCCTAGGCCAGTGCCTCTGAGAACTCTGTGGTATTTC        8880

Qy    8881  CCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCTCATTTGAGATGGTATAAATGGAAGCCACCAAGTG   8940
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    8881  CCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCTCATTTGAGATGGTATAAATGGAAGCCACCAAGTG   8940

Qy    8941  GCTTAGGAGGATGCCCAGGTCCTTCCATGGAGCCACTGGGGTTCCGGTGCACATTAAAAA   9000
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    8941  GCTTAGGAGGATGCCCAGGTCCTTCCATGGAGCCACTGGGGTTCCGGTGCACATTAAAAA   9000

Qy    9001  AAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCTAGATTCGGGAAATCAGTTCACCATGTTCA   9060
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9001  AAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCTAGATTCGGGAAATCAGTTCACCATGTTCA   9060

Qy    9061  AAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTTTTTGAGACTCTATTGCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCATGAT  9120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9061  AAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTTTTTGAGACTCTATTGCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCATGAT  9120

Qy    9121  CTCGGCTCACTGTAACCTCTGCCTCCCGGCCGTTCAAGCGATTCTCCTGTCTCAGCCTCCCA  9180
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9121  CTCGGCTCACTGTAACCTCTGCCTCCCGGCCGTTCAAGCGATTCTCCTGTCTCAGCCTCCCA  9180

Qy    9181  AGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCATGCCCGGCTAATTTTGTATTTTTAGTAGA   9240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9181  AGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCATGCCCGGCTAATTTTGTATTTTTAGTAGA   9240

Qy    9241  GACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCCTGACCTCGTGATCCGCC   9300
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9241  GACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCCTGACCTCGTGATCCGCC   9300

Qy    9301  TGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGGGATTACAGGCGTGAGCCACCGCCACCCGCCCAAA   9360
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9301  TGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGGGATTACAGGCGTGAGCCACCGCCACCCGCCCAAA   9360

Qy    9361  AGAGTCTTAATATATCCAGATGCATGTGTTTACTTTATGTTACTACATGCACTTG       9420
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9361  AGAGTCTTAATATATCCAGATGCATGTGTTTACTTTATGTTACTACATGCACTTG       9420

Qy    9421  GCTGCATAAATGTGGTACAAGCATTGTCTTGTCAAGGGCAGGTGCTTCAGGATACCATAT   9480
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9421  GCTGCATAAATGTGGTACAAGCATTGTCTTGTCAAGGGCAGGTGCTTCAGGATACCATAT   9480

Qy    9481  ACAGCTTCAGAAGTTGGTTCTTCTTTAGGCATTAAATTTTAGCAAAGATATCTCATCTCTTCTT  9540
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9481  ACAGCTTCAGAAGTTGGTTCTTCTTTAGGCATTAAATTTTAGCAAAGATATCTCATCTCTTCTT  9540

Qy    9541  TTAAACCATTTCTTTTTCTTTTTTTGGTTAGAAAAGTTATGTGAAAAAGTAAATGTGATTT   9600
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9541  TTAAACCATTTCTTTTTCTTTTTTTGGTTAGAAAAGTTATGTGAAAAAGTAAATGTGATTT   9600

Qy    9601  ACGCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAAATGAATACAATTAAAGCTGTTATTTAATTAGGCCAG  9660
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9601  ACCCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAAATGAATACAATTAAAGCTGTTATTTAATTAGGCCAG  9660


Qy    9661  TGAAAAACTATTAACAACTTGTCTATTACCTGTTAGTATTATTGTTGCATTAAAAATGCA   9720
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9661  TGAAAAACTATTAACAACTTGTCTATTACCTGTTAGTATTATTGTTGCATTAAAAATGCA   9720

Qy    9721  TATACTTTAATAAATGTATATTGTATTGTGTATGTACTGCATGATTTATTGAGTTCTTGTTC  9780
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9721  TATACTTTAATAAATGTATATTGTATTGTGTATGTACTGCATGATTTATTGAGTTCTTGTTC  9780

Qy    9781  ATCTTGTGTATATACTAATTAATCGCTTTTGTCATTTTGGAGACATTATTTTGCTTCTAATTT  9840
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9781  ATCTTGTGTATATACTAATTAATCGCTTTTGTCATTTTGGAGACATTATTTTGCTTCTAATTT  9840

Qy    9841  CTTTACATTTTGTCTTCTTACGGAATATTTCATTCAACTGTGTAGCCGAATTAATCGTGTT   9900
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9841  CTTTACATTTTGTCTTCTTACGGAATATTTCATTCAACTGTGTAGCCGAATTAATCGTGTT   9900

Qy    9901  TCTTCACTCTAGGGACATTGTCGTCTAAGTGTAAGACATTGGTATTTTACCAGCAAAC     9960
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9901  TCTTCACTCTAGGGACATTGTCGTCTAAGTGTAAGACATTGGTATTTTACCAGCAAAC     9960

Qy    9961  CATTCTGAAAGCATATGACAAATTATTCTCTCTTAATATCTTACTATACTGAAAGCAGA   10020
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9961  CATTCTGAAAGCATATGACAAATTATTCTCTCTTAATATCTTACTATACTGAAAGCAGA   10020

Qy   10021  CTGCTATAAGGCTTCACTTACTTCTCACCTCATAAGGAATATGTTACAATTAATTTATT   10080
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10021  CTGCTATAAGGCTTCACTTACTTCTCACCTCATAAGGAATATGTTACAATTAATTTATT   10080

Qy   10081  AGGTAAGCATTGTGTTTATATGTTTATTGGTTTATTCACCTGGGCTGAGATTTCAAGAAACACC  10140
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10081  AGGTAAGCATTGTGTTTATATGTTTATTGGTTTATTCACCTGGGCTGAGATTTCAAGAAACACC  10140

Qy   10141  CCAGTCTTCACAGTAACACATTCACTAACACATTTACTAACACATGTGGCCT         10200
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10141  CCAGTCTTCACAGTAACACATTCACTAACACATTTACTAACACATGTGGCCT         10200

Qy   10201  GTTAATTTTTTAATAGAAATTTAAGTCCTCATTTCTTCGGTGTTTTTAAGCTTAA       10260
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10201  GTTAATTTTTTAATAGAAATTTAAGTCCTCATTTCTTCGGTGTTTTTAAGCTTAA       10260

Qy   10261  TTTTTCTGGCTTTATTCATAAATTCTTAAGTCAACTACATTGAAAAATCAAGACCTG     10320
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10261  TTTTTCTGGCTTTATTCATAAATTCTTAAGTCAACTACATTGAAAAATCAAGACCTG     10320

Qy   10321  CATTTTAAATTCTTATTCACCTCTGGCAAAACCATTCACAAACCATGTAGTAAAGAGAA   10380
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10321  CATTTTAAATTCTTATTCACCTCTGGCAAAACCATTCACAAACCATGTAGTAAAGAGAA   10380

Qy   10381  GGGTGACACCTGGTGGCCATAGGTAAATGTACCACGGTCCGTGTCCGTGACCAGAGATGCAG  10440
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10381  GGGTGACACCTGGTGGCCATAGGTAAATGTACCACGGTCCGTGTCCGTGACCAGAGATGCAG  10440

Qy   10441  CGCTGAGGGTTTCCTGAAGGAATAAAGGAATAAAGAATGGGTGGAGGGGCGTGCACTGGAA  10500
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10441  CGCTGAGGGTTTCCTGAAGGAATAAAGGAATAAAGAATGGGTGGAGGGGCGTGCACTGGAA  10500

Qy   10501  ATCACTTGTAGAGAAAAGCCCCTGAAAATTTGAGAAAATTTGAGAAAAACAACTACTTACCAG  10560
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10501  ATCACTTGTAGAGAAAAGCCCCTGAAAATTTGAGAAAATTTGAGAAAAACAACTACTTACCAG  10560

Qy   10561  CTATTTGAATTGCTGAATCACAGGCCATTGCTGACGCTGCCGCTGACTGGGAACAACAG    10620
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10561  CTATTTGAATTGCTGAATCACAGGCCATTGCTGACGCTGCCGCTGACTGGGAACAACAG    10620

Qy   10621  AAGGAAAACAAACCACTCTGATAAATCTGATAATCATTGAGTACAGCAGGTGATTGAGGACTGC  10680
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10621  AAGGAAAACAAACCACTCTGATAAATCTGATAATCATTGAGTACAGCAGGTGATTGAGGACTGC  10680

Qy   10681  TGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTTATGTTGTTATTAATAATGTCATCTTATAATACTGT   10740
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10681  TGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTTATGTTGTTATTAATAATGTCATCTTATAATACTGT   10740

Qy   10741  CAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTCACACACATTTAAAAACAAAACACTGTCTC  10800
```

Db 10741 CAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTCACACACATTTAAAAACAAAACACTGTCTC 10800

Qy 10801 TAAAATCCCCAAATTTTCATAAAC 10825
Db 10801 TAAAATCCCCAAATTTTCATAAAC 10825

RESULT 5
US-08-652-265-7
; Sequence 7, Application US/08652265
; Patent No. 6025130
GENERAL INFORMATION:
APPLICANT: Thomas, Winston J.
APPLICANT: Drayna, Dennis T.
APPLICANT: Feder, John N.
APPLICANT: Gnirke, Andreas
APPLICANT: Ruddy, David
APPLICANT: Tsuchihashi, Zenta
APPLICANT: Wolff, Roger K.
TITLE OF INVENTION: Hereditary Hemochromatosis Gene
NUMBER OF SEQUENCES: 44
CORRESPONDENCE ADDRESS:
ADDRESSEE: Townsend and Townsend and Crew LLP
STREET: Two Embarcadero Center, Eighth Floor
CITY: San Francisco
STATE: California
COUNTRY: USA
ZIP: 94111-3834
COMPUTER READABLE FORM:
MEDIUM TYPE: Floppy disk
COMPUTER: IBM PC compatible
OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.30
CURRENT APPLICATION DATA:
APPLICATION NUMBER: US/08/652,265
FILING DATE: 23-MAY-1996
CLASSIFICATION: 514
ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
NAME: Smith, William M.
REGISTRATION NUMBER: 30,223
REFERENCE/DOCKET NUMBER: 17957-000500
TELECOMMUNICATION INFORMATION:
TELEPHONE: (415) 576-0200
TELEFAX: (415) 576-0300
INFORMATION FOR SEQ ID NO: 7:
SEQUENCE CHARACTERISTICS:
LENGTH: 10825 base pairs
TYPE: nucleic acid
STRANDEDNESS: single
TOPOLOGY: linear
MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
FEATURE:
NAME/KEY: CDS
LOCATION: join(361..436, 3762..4025, 4235..4510, 5606..5881, 6040..6153, 7107..7147)
OTHER INFORMATION: /product= "Hereditary Hemochromatosis and 24d2 mutations"
OTHER INFORMATION: /note= "Hereditary Hemochromatosis (HH) gene containing a combination of both 24d1 and 24d2 alleles"
FEATURE:
NAME/KEY: -
LOCATION: 140..7319
OTHER INFORMATION: /note= "start and stop positions for cDNA containing a combination of both 24d1 and 24d2 alleles
OTHER INFORMATION: (SEQ ID NO:12)"
FEATURE:
NAME/KEY: -
LOCATION: 3852..3891
OTHER INFORMATION: /note= "start and stop positions for

OTHER INFORMATION: genomic sequence surrounding variant
OTHER INFORMATION: for 24d2(G) allele (SEQ ID NO:42)"
FEATURE:
NAME/KEY: -
LOCATION: 5507..6023
OTHER INFORMATION: /note= "start and stop positions for
OTHER INFORMATION: genomic sequence surrounding variant
OTHER INFORMATION: for 24d1(A) allele (SEQ ID NO:21)"
FEATURE:
NAME/KEY: allele
LOCATION: replace(3872, "g")
OTHER INFORMATION: /phenotype= "Hereditary Hemochromatosis
OTHER INFORMATION: /label= 24d2
FEATURE:
NAME/KEY: allele
LOCATION: replace(5834, "a")
OTHER INFORMATION: /phenotype= "Hereditary Hemochromatosis
OTHER INFORMATION: /label= 24d1
US-08-652-265-7

Query Match   100.0%;   Score 10823.4;   DB 3;   Length 10825;
Best Local Similarity 100.0%;   Pred. No. 0;
Matches 10824;   Conservative 0;   Mismatches 0;   Indels 0;   Gaps 0;

Qy   1 TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTAAATGTATGATTGAATTTTGAAAATCATAAATATTTA 60
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1 TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTAAATGTATGATTGAATTTTGAAAATCATAAATATTTA 60

Qy   61 AATATCTAAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTCCCAATCAACAACACCCCT 120
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   61 AATATCTAAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTCCCAATCAACAACACCCCT 120

Qy 121 TCAGGATTTAAAAACCAAGGGGACACTGGATCACCTAGTGTTTCACAAGCAGGTACCTT 180
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 121 TCAGGATTTAAAAACCAAGGGGACACTGGATCACCTAGTGTTTCACAAGCAGGTACCTT 180

Qy 181 CTGCTGTAGGAGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTTGCTTTCACCAGGAAGTT 240
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 181 CTGCTGTAGGAGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTTGCTTTCACCAGGAAGTT 240

Qy 241 TTACTGGCATCTCCTGAGCCTAGGCAATAGCTGTAGGGTGACTTCTGGAGCCATCCCG 300
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 241 TTACTGGCATCTCCTGAGCCTAGGCAATAGCTGTAGGGTGACTTCTGGAGCCATCCCG 300

Qy 301 TTTCCCCCCCCAAAAGAAGCGGAGATTTAACGGGGACGTGCGGCCAGAGCTGGGGAA 360
        ||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 301 TTTCCCCGCCCAAAAGAAGCGGAGATTTAACGGGGACGTGCGGCCAGAGCTGGGGAA 360

Qy 361 ATGGGCCCGGAGCCAGGCCAGGCCGGCCGGCCGTTCTGAGCTTTGCAGACCGCGGGTCCTG 420
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 361 ATGGGCCCGGAGCCAGGCCAGGCCGGCCGGCCGTTCTGAGCTTTGCAGACCGCGGGTCCTG 420

Qy 421 CAGGGGCCGGCTTGCTGCGTGAGTCCGAGGGCTCGGGCGGCGAACTAGGGGCGGGGGTG 480
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 421 CAGGGGCCGGCTTGCTGCGTGAGTCCGAGGGCTCGGGCGGCGAACTAGGGGCGGGGGTG 480

Qy 481 GAAAAATCGAAACTAGCTTTTCTTTCGCGCTTGGGAGTTTGCTAACTTTGGAGGACCTGC 540
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 481 GAAAAATCGAAACTAGCTTTTCTTTCGCGCTTGGGAGTTTGCTAACTTTGGAGGACCTGC 540

Qy 541 TCAACCCTATCCGCAAGCCCCTCCTCACTTTCTGCGTCCAGACCCCGTGAGGGAGTGC 600
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 541 TCAACCCTATCCGCAAGCCCCTCCTCACTTTCTGCGTCCAGACCCCGTGAGGGAGTGC 600

Qy 601 CTACCACTGAACTGCAGATAGGGGTCCCTGCCCCCTCCCCGGCTGT 660
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 601 CTACCACTGAACTGCAGATAGGGGTCCCTGCCCCCTCCCCGGCTGT 660

Qy 661 CCCGGCTCTGCCGGAGTGACTTTTGGAACCGCCCACTCCCTTCCCCAACTAGAATGCTTT 720
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Mon Jul 9 10:09:31 2001

us-09-497-957-3.rni

```
Db   661  CCCGGCTCTGCGGAGTGACTTTGGAACCGCCCACTCCCTTCCCCAACTAGAATGCTTT  720

Qy   721  TAAATAAATCTCGTAGTTCCTCACTTGAGCTGAGCTGGGGCTCCTTGAACCTGG  780
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   721  TAAATAAATCTCGTAGTTCCTCACTTGAGCTGAGCTGGGGCTCCTTGAACCTGG  780

Qy   781  AACTCGGGTTTATTTCCAAATGTCAGCTGTGCAGTTTTTCCCAGTCATCTCCAAACAGG  840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   781  AACTCGGGTTTATTTCCAAATGTCAGCTGTGCAGTTTTTCCCAGTCATCTCCAAACAGG  840

Qy   841  AAGTTCTTCCCTGAGTGCTTGCCGAGAAGGCTGCAAACCCACAGGATCCGCACGG  900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   841  AAGTTCTTCCCTGAGTGCTTGCCGAGAAGGCTGCAAACCCACAGGATCCGCACGG  900

Qy   901  GGTTCCACCTCAGAACGAATCGTTGGGCGTGGGGCGCGAAAGAGTGGCGTTGGGGA  960
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   901  GGTTCCACCTCAGAACGAATCGTTGGGCGTGGGGCGCGAAAGAGTGGCGTTGGGGA  960

Qy   961  TCTGAATTCTTCACCATTCCACCCACTTTGGTGAGACCTTGGGGTGGAGGTCTCTAGGGT 1020
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   961  TCTGAATTCTTCACCATTCCACCCACTTTGGTGAGACCTTGGGGTGGAGGTCTCTAGGGT 1020

Qy  1021  GGGAGGCTCCTGAGAGAGGCCTACCTCGGGGCCTTCCCCACTCTTGGCAATTGTTCTTTT 1080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1021  GGGAGGCTCCTGAGAGAGGCCTACCTCGGGGCCTTCCCCACTCTTGGCAATTGTTCTTTT 1080

Qy  1081  GCCTGGAAAATTAAGTATATGTTAGTTTGAACGTTGAACTGAACAATTCTCTTTCGG 1140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1081  GCCTGGAAAATTAAGTATATGTTAGTTTGAACGTTGAACTGAACAATTCTCTTTCGG 1140

Qy  1141  CTAGGCTTTATTGATTTGCAATGTCTGTGTTAATTAAGAGGCCTCTCTACAAAGTACTGA 1200
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1141  CTAGGCTTTATTGATTTGCAATGTCTGTGTTAATTAAGAGGCCTCTCTACAAAGTACTGA 1200

Qy  1201  TAATGAACATGTAAGCAATGGGAGGCTAGGAGCTAATACAGTTTATTTTACTAGAAGTTAACT 1260
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1201  TAATGAACATGTAAGCAATGGGAGGCTAGGAGCTAATACAGTTTATTTTACTAGAAGTTAACT 1260

Qy  1261  TTTTCACTAGGCCATAGGGAGGTAGGAGCTAATACAGTTTATTTTACTAGAAGTTAACT 1320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1261  TTTTCACTAGGCCATAGGGAGGTAGGAGCTAATACAGTTTATTTTACTAGAAGTTAACT 1320

Qy  1321  GGAATTCAGATTATATAAACTCTTTTCAGGTTACAAAGACATAAATAATCTGGTTTTCTG 1380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1321  GGAATTCAGATTATATAAACTCTTTTCAGGTTACAAAGACATAAATAATCTGGTTTTCTG 1380

Qy  1381  ATGTTATTTCAAGTACTACAGCTGCTTCTAATCTTCAGTTGCACAGTGATTTTGCCCTGTAG 1440
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1381  ATGTTATTTCAAGTACTACAGCTGCTTCTAATCTTCAGTTGCACAGTGATTTTGCCCTGTAG 1440

Qy  1441  TGTAGCACAGTGTTCTGTGGGTCACACGCGGTCACCACTTCAGCCACTTTGGTA 1500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1441  TGTAGCACAGTGTTCTGTGGGTCACACGCGGTCACCACTTCAGCCACTTTGGTA 1500

Qy  1501  CTGGGTCTATCGTAATGACACATTTTACACATGAGGCATGGCACGGCCTGCTTCCTG 1560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1501  CTGGGTCTATCGTAATGACACATTTTACACATGAGGCATGGCACGGCCTGCTTCCTG 1560

Qy  1561  CAAATTTATTCAATGTGACTACTGGGCTTTGGTGGCAGAGCTCTCCACTTCATAGC 1620
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1561  CAAATTTATTCAATGTGACTACTGGGCTTTGGTGGCAGAGCTCTCCACTTCATAGC 1620

Qy  1621  TATGATTCTTAAAACATCACACTACACTGCATTAGAGGTTGAATAATAAAATTTCATGTTGAGCAG 1680
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1621  TATGATTCTTAAAACATCACACTACACTGCATTAGAGGTTGAATAATAAAATTTCATGTTGAGCAG 1680

Qy  1681  AAATATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGTCCCAGCCATGTGTTGCACTGTTCAAGCCC 1740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1681  AAATATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGTCCCAGCCATGTGTTGCACTGTTCAAGCCC 1740

Qy  1741  CAAGGGAGAGAGCAGGGAAACAAGTCTTTACCCTTGATATTTTGCATTCTAGTTGGGAGA 1800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1741  CAAGGGAGAGAGCAGGGAAACAAGTCTTTACCCTTGATATTTTGCATTCTAGTTGGGAGA 1800
```

```
Qy  1801  GATGACAATAAGCAAATGAGCAGAAAGATATACAACATCAGGAAATCATGGGTGTTGTGA 1860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1801  GATGACAATAAGCAAATGAGCAGAAAGATATACAACATCAGGAAATCATGGGTGTTGTGA 1860

Qy  1861  GAAGCAGAGAAGTCAGGGCAGCAAGTCACTCTGGGGCTGACACTTGAGCAGAGACATGAAGGA 1920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1861  GAAGCAGAGAAGTCAGGGCAGCAAGTCACTCTGGGGCTGACACTTGAGCAGAGACATGAAGGA 1920

Qy  1921  AATAAGAATGATATTGACTGGGAGCAGTATTTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCCTGCAAG 1980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1921  AATAAGAATGATATTGACTGGGAGCAGTATTTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCCTGCAAG 1980

Qy  1981  TTGGATTAAAAAGCGGGTTTTCTCAGCACTACTCATGTGTGTGTGTGGGGGG 2040
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1981  TTGGATTAAAAAGCGGGTTTTCTCAGCACTACTCATGTGTGTGTGTGGGGGGGG 2040

Qy  2041  CGGCGTGGGGTGGGGGTGGGAAGGGGGACTACCAGTGCATGTGCTAGCAGTATCCTGT 2100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2041  CGGCGTGGGGTGGGGGTGGGAAGGGGGACTACCAGTGCATGTGCTAGCAGTATCCTGT 2100

Qy  2101  CCTCCCTACTCACTAGGTGCTAGGAGCCACTCCCCAGTCTTGACAACCAAAATGTCTCT 2160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2101  CCTCCCTACTCACTAGGTGCTAGGAGCCACTCCCCAGTCTTGACAACCAAAATGTCTCT 2160

Qy  2161  AAACTTTGCCACATGTCACCTAGTAGCACAAACTCCTGGTTAAGGAAGCTCGGGTTGAAAAA 2220
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2161  AAACTTTGCCACATGTCACCTAGTAGCACAAACTCCTGGTTAAGGAAGCTCGGGTTGAAAAA 2220

Qy  2221  AATAAACAAGTAGTGCTGGGGAGTAGGAGTAGTAATGGGCTCAGAAGAGGA 2280
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2221  AATAAACAAGTAGTGCTGGGGAGTAGGAGTAGTAATGGGCTCAGAAGAGGA 2280

Qy  2281  GCCACAAACAAGGTTGTGCAGGCTTTTAAAAGATTGCTCTCGGCTGCTATGTGGAAAGCAGAATG 2340
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2281  GCCACAAACAAGGTTGTGCAGGCTTTTAAAAGATTGCTCTCGGCTGCTATGTGGAAAGCAGAATG 2340

Qy  2341  ACAGTGATCTGTCACAGGCTTTAATGGCTAGTCCAAGGAGTA 2400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2341  ACAGTGATCTGTCACAGGCTTTAATGGCTAGTCCAAGGAGTA 2400

Qy  2401  AAGGGAGCAACAGTAAAAGCAGGAGGCCCAGAGAGCTGTTACAGTGCAGCAAG 2460
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2401  AAGGGAGCAACAGTAAAAGCAGGAGGCCCAGAGAGCTGTTACAGTGCAGCAAG 2460

Qy  2461  AGGTAGTGAGGGCTGGGCTGGGTGGGAACAGAGAAAAGGGAGTGACAAACCATTGTCTCCTGAA 2520
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2461  AGGTAGTGAGGGCTGGGCTGGGTGGGAACAGAGAAAAGGGAGTGACAAACCATTGTCTCCTGAA 2520

Qy  2521  TATATTCTGAAGGAGTTGCTCATGCCAAGGAGGAGCCAAGGAGCAGATTCCTGAGCTCAGGA 2580
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2521  TATATTCTGAAGGAGTTGCTCATGCCAAGGAGGAGCCAAGGAGCAGATTCCTGAGCTCAGGA 2580

Qy  2581  GTTCAAGACCAGCCTGGGCAACACAGCAAACCCCTTCTACAAAATTA 2640
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2581  GTTCAAGACCAGCCTGGGCAACACAGCAAACCCCTTCTACAAAATTA 2640

Qy  2641  GCTGGGTGTGGTGGCATGCACCTGTGATCCTCAGCTACTCGGGAGGCTGAGGGTA 2700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2641  GCTGGGTGTGGTGGCATGCACCTGTGATCCTCAGCTACTCGGGAGGCTGAGGGTA 2700

Qy  2701  TTGCTTGAGCCCAGGAAGTTGAGGCTGCAGTGAGCCACTGCACTGTACTTCAGC 2760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2701  TTGCTTGAGCCCAGGAAGTTGAGGCTGCAGTGAGCCACTGCACTGTACTTCAGC 2760

Qy  2761  CTAGGTGACAGAGCAAGACCCCTGTCTCCCCTGAAAAAGAGAAGAGTTAAAGT 2820
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2761  CTAGGTGACAGAGCAAGACCCCTGTCTCCCCTGAAAAAGAGAAGAGTTAAAGT 2820
```

```
Qy  3961  AGGGTGGGATCACATGTTCACTGTTGACTGTTGGACTATTATGGAAAATCACAACCACAG  4020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3961  AGGGTGGGATCACATGTTCACTGTTGACTGTTGGACTATTATGGAAAATCACAACCACAG  4020

Qy  4021  CAAGGGTATGTGGAGAGGGGCCTCACCTTCCTGAGGTGTCAGAGCTTTTCATCTTTTC   4080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4021  CAAGGGTATGTGGAGAGGGGCCTCACCTTCCTGAGGTGTCAGAGCTTTTCATCTTTTC   4080

Qy  4081  ATGCATCTTGAAGGAAACAGTCGGAAGTCTGAGGTCTTGTGGGAGCAGGAGGAAGAGGGAAG  4140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4081  ATGCATCTTGAAGGAAACAGTCGGAAGTCTGAGGTCTTGTGGGAGCAGGAGGAAGAGGGAAG  4140

Qy  4141  GAATTTGCTTCCTGAGATCATTTGGTCCTTGGGATGTGGAAATAGGGACCTATTCCTT   4200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4141  GAATTTGCTTCCTGAGATCATTTGGTCCTTGGGATGTGGAAATAGGGACCTATTCCTT   4200

Qy  4201  TGGTTGCAGTTAACAAGGCTGGGGATTTTTCCAGAGTCCCACCCTGCACCTGCATCCTG  4260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4201  TGGTTGCAGTTAACAAGGCTGGGGATTTTTCCAGAGTCCCACCCTGCACCTGCATCCTG  4260

Qy  4261  GGCTGTGAAATGCAAGAAGACAACAGTACCGAGGGCTACTGGGGTACGGGTATGATGGG  4320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4261  GGCTGTGAAATGCAAGAAGACAACAGTACCGAGGGCTACTGGGGTACGGGTATGATGGG  4320

Qy  4321  CAGGACCACCTTGAATTCTGCCCTGACACACTGGATTGGAGAGCAGCAGCAACCCAGGGCC  4380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4321  CAGGACCACCTTGAATTCTGCCCTGACACACTGGATTGGAGAGCAGCAGCAACCCAGGGCC  4380

Qy  4381  TGGCCCCAAGCTGGAGTTGGGAAAGGCACAAGATTCGGGCAGGCCAGGCAGACAGCGGCCTAC  4440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4381  TGGCCCCAAGCTGGAGTTGGGAAAGGCACAAGATTCGGGCAGGCCAGGCAGACAGCGGCCTAC  4440

Qy  4441  CTGGAGAGGGACTGCCCTGCACAGTCGCAGCAGTTGCTGGAGCTGGGGGAGAGCTGTTTTG  4500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4441  CTGGAGAGGGACTGCCCTGCACAGTCGCAGCAGTTGCTGGAGCTGGGGGAGAGCTGTTTTG  4500

Qy  4501  GACCAACAAGGTATGGTGGGAAACACACTTCTGCCCCTATACTCTAGTGGCAGAGTGGAGG  4560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4501  GACCAACAAGGTATGGTGGGAAACACACTTCTGCCCCTATACTCTAGTGGCAGAGTGGAGG  4560

Qy  4561  AGGTTGCAGGCACGGAATCCCTGGTTGGAGTTTCAGAGGTGGCTGAGGCTGTGTGCCTC  4620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4561  AGTTGCAGGCACGGAATCCCTGGTTGGAGTTTCAGAGGTGGCTGAGGCTGTGTGCCTC   4620

Qy  4621  TCCAAATTCTGGAAGGGACTTCTCAATCCTAGAGTCTCTACCTTATAATTGAGATGTA    4680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4621  TCCAAATTCTGGAAGGGACTTCTCAATCCTAGAGTCTCTACCTTATAATTGAGATGTA    4680

Qy  4681  TGAGACAGCCACAAGTCATGGGTTTAATTTCTTTTCTCCATGCATATGGCTCAAAGGGAA  4740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4681  TGAGACAGCCACAAGTCATGGGTTTAATTTCTTTTCTCCATGCATATGGCTCAAAGGGAA  4740

Qy  4741  GTGTCTATGCCCTTGCTTTTATTTAACCAATAATCTTTTGTATATTTATACCTGTTAA   4800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4741  GTGTCTATGCCCTTGCTTTTATTTAACCAATAATCTTTTGTATATTTATACCTGTTAA   4800

Qy  4801  AAATTCAGAAAGTCAAGGCGGGGCACGGTGGCTCACCCCTGTAATCCCAGCACTTTGGG   4860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4801  AAATTCAGAAAGTCAAGGCGGGGCACGGTGGCTCACCCCTGTAATCCCAGCACTTTGGG   4860

Qy  4861  AGGCCGAGGCGGGTGGTCACGAGGTCAGGAGTTTGAGACCAGCCTGACCAACATGGTGAA  4920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4861  AGGCCGAGGCGGGTGGTCACGAGGTCAGGAGTTTGAGACCAGCCTGACCAACATGGTGAA  4920

Qy  4921  ACCCGTCTCTAAAAATACAAAAATTAGCCGGGCGTGGTGGCGCACCTGGTAGTCCCAGCTA  4980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4921  ACCCGTCTCTAAAAATACAAAAATTAGCCGGGCGTGGTGGCGCACCTGGTAGTCCCAGCTA  4980

Qy  4981  GCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGAGAATCGCTTGAACCTGGGAAGCGGAAGTTGCACTGA   5040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4981  GCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGAGAATCGCTTGAACCTGGGAAGCGGAAGTTGCACTGA   5040

Qy  5041  GCCAAGATCGCGCCACTGCACTCCAGCCTGGGCGACAGTGAGACTCCATCTTAAAAAA    5100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Qy  2881  TGACTTGTTCTTTATTTTATTTAATTTTATTGGCCTGAGCAGCTGGGGTAATTGCCAAT  2940
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2881  TGACTTGTTCTTTATTTTATTTAATTTTATTGGCCTGAGCAGCTGGGGTAATTGCCAAT  2940

Qy  2941  TTCTGAGATGGTGAAGGCAGAGGAAAGAGCAGTTTGGGTAAATCAAGGATCTGCATTTG  3000
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2941  TTCTGAGATGGTGAAGGCAGAGGAAAGAGCAGTTTGGGTAAATCAAGGATCTGCATTTG  3000

Qy  3001  GGACATGTTAAGTTGAGATTCCAGTCAGGCTTCCAAGTGGTGAGGCCACATAGGCAGTT  3060
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3001  GGACATGTTAAGTTGAGATTCCAGTCAGGCTTCCAAGTGGTGAGGCCACATAGGCAGTT  3060

Qy  3061  CAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGCCACGGCTCCACTTCTGTAATCCCAGCACT   3120
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3061  CAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGCCACGGCTCCACTTCTGTAATCCCAGCACT   3120

Qy  3121  TTGGTGGCTGAGGCAGGTAGATCATTTGAGGTCAGGAGTTTGAGACAAGCTTGGCCAACA  3180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3121  TTGGTGGCTGAGGCAGGTAGATCATTTGAGGTCAGGAGTTTGAGACAAGCTTGGCCAACA  3180

Qy  3181  TGGTGAAACCCCATGTCTACTAAAAATACAAAAATTAGCCTGGTGTGGTGGCGCACGCCT  3240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3181  TGGTGAAACCCCATGTCTACTAAAAATACAAAAATTAGCCTGGTGTGGTGGCGCACGCCT  3240

Qy  3241  ATAGTCCCAGGTTTTCAGGAGGCTTAGGTAGGAGAATCCCTTGAACCCAGGAGGTGCAGG  3300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3241  ATAGTCCCAGGTTTTCAGGAGGCTTAGGTAGGAGAATCCCTTGAACCCAGGAGGTGCAGG  3300

Qy  3301  TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGATAGAGTGAGACTCTGT  3360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3301  TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGATAGAGTGAGACTCTGT  3360

Qy  3361  CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATTTGGG          3420
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3361  CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATTTGGG          3420

Qy  3421  TCTAATTTGCCCTGAGCACCAACTCCTGAGTTCAACTACCATGGCTAGACACACCTTAAC  3480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3421  TCTAATTTGCCCTGAGCACCAACTCCTGAGTTCAACTACCATGGCTAGACACACCTTAAC  3480

Qy  3481  ATTTTCTAGAATCCACCACCAGCTTTAGTGGAGTCTGTCTAATCATGAGTATTGGAATAGGAT  3540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3481  ATTTTCTAGAATCCACCACCAGCTTTAGTGGAGTCTGTCTAATCATGAGTATTGGAATAGGAT  3540

Qy  3541  CTGGGGCAGTGAGGGGTGGCAGCCAGCCACGTGGCAGAGAAAGCACACAAGGAAAGAGC  3600
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3541  CTGGGGCAGTGAGGGGTGGCAGCCAGCCACGTGGCAGAGAAAGCACACAAGGAAAGAGC  3600

Qy  3601  ACCCAGGACTGTCATATGGAAGAACAGGACTGCAACTGCAACTCACCCTTCAACATCCTGCTCCC  3660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3601  ACCCAGGACTGTCATATGGAAGAACAGGACTGCAACTGCAACTCACCCTTCAACATCCTGCTCCC  3660

Qy  3661  CCAGAGACCAGCAGCTGCCTGTTCGTGTCTTGCGTGTTCCTGGCTCTTGTTGAAGCTTTGGGCTA  3720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3661  CCAGAGACCAGCAGCTGCCTGTTCGTGTCTTGCGTGTTCCTGGCTCTTGTTGAAGCTTTGGGCTA  3720

Qy  3721  CTCCTACTACACATGGTTAAGGCCTTAAGGCCTTCACACTCTCTGCACTA          3780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3721  CTCCTACTACACATGGTTAAGGCCTTAAGGCCTTCACACTCTCTGCACTA          3780

Qy  3781  CCTCTTCATGGGATGCCTCAGAGCAGCAGGACCTTGGTCTTTCCTTGTTTGAAGCTTGGGCTA  3840
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3781  CCTCTTCATGGGATGCCTCAGAGCAGCAGGACCTTGGTCTTTCCTTGTTTGAAGCTTGGGCTA  3840

Qy  3841  CGTGGATGACCAGCTGTTTCGTGTTCTATGATCATGGAGAGTCGCGTGTGAGCCCGAAC  3900
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3841  CGTGGATGACCAGCTGTTTCGTGTTCTATGATCATGGAGAGTCGCGTGTGAGCCCCGAAC  3900

Qy  3901  TCCATGGTTTCCAGTAGAATTCAAGCCAGATGTGGCTGGAGTCAGAGTCTGAA        3960
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3901  TCCATGGTTTCCAGTAGAATTCAAGCCAGATGTGGCTGGAGTCAGAGTCTGAA        3960
```

```
Db  5041 GCCAAGATCGCGCCACTGCACTCCAGCCTCCAGCAGCCAGCAGTGAGACTCCATCTTAAAAAA 5100      Db  6181 TAGTACCTCTGCCCACCCAGGGCACAGTGGGAAGAGGGCAGAGGGGCAGAGGGGATCTGGCATCCATGGG 6240
                                                                                        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  5101 AAAAAAAAAAAAAAAAAAGAGAATTCAGAGATCTCAGCTATCAGATGAATACCAGGACAAA 5160      Qy  6181 TAGTACCTCTGCCCACCCAGGGCACAGTGGGAAGAGGGCAGAGGGGCAGAGGGGATCTGGCATCCATGGG 6240
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5101 AAAAAAAAAAAAAAAAAAGAGAATTCAGAGATCTCAGCTATCAGATGAATACCAGGACAAA 5160      Qy  6241 AAGCATTTTTCTCATTTATATTCTTTGGGACACCAGCAGCTCCCTGGGACAGACAGAAAAT 6300
                                                                                        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  5161 ATATCAAGTGAGGCCACTTATCAGAGTAGAAGAATCCTTTAGGTTAAAAGTTCTTTTCAT 5220      Db  6241 AAGCATTTTTCTCATTTATATTCTTTGGGACACCAGCAGCTCCCTGGGACAGACAGAAAAT 6300
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5161 ATATCAAGTGAGGCCACTTATCAGAGTAGAAGAATCCTTTAGGTTAAAAGTTCTTTTCAT 5220      Qy  6301 AATGGTTCTCCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCAACAAACATCTTCAGAGCACCTACTAT 6360
                                                                                        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  5221 AGAACATAGAGCAATAATCACTGAAGCTACCTATCTTACAAGTCCGCTTCTTATAACAATGC 5280    Db  6301 AATGGTTCTCCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCAACAAACATCTTCAGAGCACCTACTAT 6360
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5221 AGAACATAGAGCAATAATCACTGAAGCTACCTATCTTACAAGTCCGCTTCTTATAACAATGC 5280    Qy  6361 TTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTAGTACAGGGCTTTGAGGTTGAGAGTCACTGTGGCTAT 6420
                                                                                        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  5281 CTCCTAGGTTGACCCAGTGAAACTGAAACTGACCATCTGTATTCAATCATTTCAATGCACATAA 5340  Db  6361 TTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTAGTACAGGGCTTTGAGGTTGAGAGTCACTGTGGCTAT 6420
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5281 CTCCTAGGTTGACCCAGTGAAACTGAAACTGACCATCTGTATTCAATCATTTCAATGCACATAA 5340  Qy  6421 TCTCAGAACCCAAATCTGGTAGGGAATGAAATTGATAGCAAGTAAATGTAGTTAAAGAAG 6480
                                                                                        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  5341 AGGGCAATTTTATCTATCAGAACAAAGAACATGGGTAACACATGTATATTTACATGTG 5400        Db  6421 TCTCAGAACCCAAATCTGGTAGGGAATGAAATTGATAGCAAGTAAATGTAGTTAAAGAAG 6480
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5341 AGGGCAATTTTATCTATCAGAACAAAGAACATGGGTAACACATGTATATTTACATGTG 5400        Qy  6481 ACCCCATGAGGTCCTAAAGCAGGCAGAAGCAAATGCTTAGGGTGTCAAAGGAAAGAATG 6540
                                                                                        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  5401 AGGGAACAAGCAGCTGATCTGACTGCTCTCCAAGTGACACTGTGTAGAGTCCAATCTTAGG 5460    Db  6481 ACCCCATGAGGTCCTAAAGCAGGCAGAAGCAAATGCTTAGGGTGTCAAAGGAAAGAATG 6540
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5401 AGGGAACAAGCAGCTGATCTGACTGCTCTCCAAGTGACACTGTGTAGAGTCCAATCTTAGG 5460    Qy  6541 ATCACATTCAGCTGGGGATCAAGATAGCCTTCTGGGATCTTGAAGGAGAAGCTGGATTCCA 6600
                                                                                        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  5461 ACACAAAATGTGTCTCTCCTGTAGCTTGTTTTTTCTGAAAAGGGTATTTCCTTCCTCC 5520      Db  6541 ATCACATTCAGCTGGGGATCAAGATAGCCTTCTGGGATCTTGAAGGAGAAGCTGGATTCCA 6600
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5461 ACACAAAATGTGTCTCTCCTGTAGCTTGTTTTTTCTGAAAAGGGTATTTCCTTCCTCC 5520      Qy  6601 TTAGGTGAGGTTGAAGATGATGGGAGGTTAGAAATAATTACTGGATATTGGGTAGGAGGA 6660
                                                                                        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  5521 AACCTATAGAAGGAGGAAGTGAAAGTTCCAGTCTTCCTGGCAAGGGTAAACAGATCCCCTCTC 5580  Db  6601 TTAGGTGAGGTTGAAGATGATGGGAGGTTAGAAATAATTACTGGATATTGGGTAGGAGGA 6660
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5521 AACCTATAGAAGGAGGAAGTGAAAGTTCCAGTCTTCCTGGCAAGGGTAAACAGATCCCCTCTC 5580  Qy  6661 GAGTATAAGGCATACTGGGAGATTAGAGAAATAATTACTTACCTTAACCCTGAGTTTGCGT 6720
                                                                                        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  5581 CTCATCCTTCCTCTTCCTGTCAAGTCGCCCTCCTTTGGTGAAGGTGACACATCATGTGACC 5640    Db  6661 GAGTATAAGGCATACTGGGAGATTAGAGAAATAATTACTTACCTTAACCCTGAGTTTGCGT 6720
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5581 CTCATCCTTCCTCTTCCTGTCAAGTCGCCCTCCTTTGGTGAAGGTGACACATCATGTGACC 5640    Qy  6721 AGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCTACCCCTGAACATCGTGGTAGGGAAAGA 6780
                                                                                        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  5641 TCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGGGCCTTGAACTACTACCCCCAGGAACATCACCATG 5700    Db  6721 AGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCTACCCCTGAACATCGTGGTAGGGAAAGA 6780
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5641 TCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGGGCCTTGAACTACTACCCCCAGGAACATCACCATG 5700    Qy  6781 GAATCAGAAAGAAGCCAGCTCATACAGAGTCCAAGGGTCTCTTTGGGATATTGGGTTATGA 6840
                                                                                        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  5701 AAGTGGCTGAAGGATAAGCAGCAGGAGTTCGAACCGTAAAGAGACGTATTG 5760              Db  6781 GAATCAGAAAGAAGCCAGCTCATACAGAGTCCAAGGGTCTCTTTGGGATATTGGGTTATGA 6840
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5701 AAGTGGCTGAAGGATAAGCAGCAGGAGTTCGAACCGTAAAGACGTATTG 5760                Qy  6841 TCACTGGGGTGTCATTGAAGGATCCTAAGAAGGAGGACCACGATCTCCCTTATATGGTG 6900
                                                                                        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  5761 CCCAATGGGATGGGACCTACCAGGCTGAGATGAGGAGGATCTCTGGGGAAGAG 5820            Db  6841 TCACTGGGGTGTCATTGAAGGATCCTAAGAAGGAGGACCACGATCTCCCTTATATGGTG 6900
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5761 CCCAATGGGATGGGACCTACCAGGCTGAGATGAGGAGGATCTCTGGGGAAGAG 5820            Qy  6901 AATGTCTTGTTAAGAAGTTAGATGAGAGGTGAGAGGACCAGTTAGAAAGCCAATAAGCAT 6960
                                                                                        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  5821 CAGAGATATACGTTAAACTGCTTTAACTGCTTTAACTGCTTTTTGCTGTCGTTT 5880          Db  6901 AATGTCTTGTTAAGAAGTTAGATGAGAGGTGAGAGGACCAGTTAGAAAGCCAATAAGCAT 6960
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5821 CAGAGATATACGTTAAACTGCTTTAACTGCTTTTTGCTGTCGTTT 5880                    Qy  6961 TTCCAGATGGAGATAATGGTCTTGAAATCCAATTGGCCAGGTCTAAATTGAGATGG 7020
                                                                                        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  5881 GGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGCCAGGAGCCAGGAGCTGAGGAGTGCC 5940            Db  6961 TTCCAGATGGAGATAATGGTCTTGAAATCCAATTGGCCAGGTCTAAATTGAGATGG 7020
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5881 GGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGCCAGGAGCTGAGGAGTGCC 5940                    Qy  7021 GTGAATGAGGAAAATAAGGAAGAGAAGAGGCAAGATGGTGCCTAGGTTTGTGATGCCT 7080
                                                                                        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  5941 TGAGGAGGTAATTATGGCAGTGAGATGAGAGACCAGGGGTGGGCTGAGG 6000                Db  7021 GTGAATGAGGAAAATAAGGAAGAGAAGAGGCAAGATGGTGCCTAGGTTTGTGATGCCT 7080
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5941 TGAGGAGGTAATTATGGCAGTGAGATGAGAGACCAGGGGTGGGCTGAGG 6000                Qy  7081 CTTTCCTGGGTCTCTGTCTCCACAGGCTTAGTCTTAGCTCTTAGCTGAACG 7140
                                                                                        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  6001 GTGGCAATCAAAGGCTTTAACTGCTTTAACTGTGTTTTGCTTTTGTCACCGTCTGGCACCC 6060    Db  7081 CTTTCCTGGGTCTCTGTCTCCACAGGCTTAGTCTTAGCTCTTAGCTGAACG 7140
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6001 GTGGCAATCAAAGGCTTTAACTGTGTTTTTGCTTTTGTCACCGTCTGGCACCC 6060            Qy  7141 TGAGTGACACGCAGCCTGCGACTCACTGTGGGAAGGAGACAAAACTAGACTCAAAGA 7200
                                                                                        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  6061 TAGTCATTGGAGTCATCAGTCATCAGTGTTTTGTCGTTTTGTCGTCTTCATTTCATTGGAATTT 6120 Db  7141 TGAGTGACACGCAGCCTGCGACTCACTGTGGGAAGGAGACAAAACTAGACTCAAAGA 7200
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6061 TAGTCATTGGGATCATCAGTGTTTGGGAATTGTCGTCATTGTTCATTTCATTGGAATTT 6120      Qy  7201 GGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCATCTTTCATGTTCAAGTAGTAGGAACAAGGGGAAGTCTCT 7260
                                                                                        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  6121 TGTTCAATAATTAAGGAAGAGGCCAGGGTTCAAGTGAGTAGGAACAAGGGGGAAGTCTCT 6180    Db  7201 GGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCATCTTTCATGTTCAAGTAGTAGGAACAAGGGGAAGTCTCT 7260
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6121 TGTTCAATAATTAAGGAAGAGGCAGGGTTCAAGTGAGTAGGAACAAGGGGGAAGTCTCT 6180
```

```
Qy  7261  GCCTGACGAACTCCTTGATTTTAGCCTTCTCTGTTCATTTCCTCAAAAAGATTTCCCCAT  7320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7261  GCCTGACGAACTCCTTGATTTTAGCCTTCTCTGTTCATTTCCTCAAAAAGATTTCCCCAT  7320

Qy  7321  TTAGGTTTCTGAGTTCCTGCCATGCCGGTCGATCCCTGACCTCTCCCGTTGGAACTG  7380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7321  TTAGGTTTCTGAGTTCCTGCCATGCCGGTCGATCCCTGACCTCTCCCGTTGGAACTG  7380

Qy  7381  TCTCTCATGAACCTCAAGCTGCATCTAGAGGCTTCCTTCCTCCGTCACCTCAGAG  7440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7381  TCTCTCATGAACCTCAAGCTGCATCTAGAGGCTTCCTTCCTCCGTCACCTCAGAG  7440

Qy  7441  ACATACACCTATGTCATTTCATTTCCTATTTTGGAAGAGGACTCCTTAAATTTGGGGA  7500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7441  ACATACACCTATGTCATTTCATTTCCTATTTTGGAAGAGGACTCCTTAAATTTGGGGA  7500

Qy  7501  CTTACAATGATTCATTTAACATCTGAGAAAAAGCTTGAACCCTGGGACGTGGCTAGTCAT  7560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7501  CTTACAATGATTCATTTAACATCTGAGAAAAAGCTTGAACCCTGGGACGTGGCTAGTCAT  7560

Qy  7561  AACCTTACCAGATTTTTACACATGTATCTATGCATTTTCTGGACCCGTTCAACTTTTCCT  7620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7561  AACCTTACCAGATTTTTACACATGTATCTATGCATTTTCTGGACCCGTTCAACTTTTCCT  7620

Qy  7621  TTGAATCCTCTCTGTGTTACCCAGTAACTCATCTGTCACCAAGCCTTGGGATTCTTC  7680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7621  TTGAATCCTCTCTGTGTTACCCAGTAACTCATCTGTCACCAAGCCTTGGGATTCTTC  7680

Qy  7681  CATCTGATTGTGAGTGCACAGCGTACACTGCTACACTGACGACGAATGGAAGAG  7740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7681  CATCTGATTGTGAGTGCACAGCGTACACTGCTACACTGACGACGAATGGAAGAG  7740

Qy  7741  GCACCTGTCCAGAAAAAGCCATCATGGCTATCTGTGGGTAGTATGATGGGTGTTTTAGC  7800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7741  GCACCTGTCCAGAAAAAGCCATCATGGCTATCTGTGGGTAGTATGATGGGTGTTTTAGC  7800

Qy  7801  AGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGTTGTGAAGAGTGTTTTCTAATTGGCATGA  7860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7801  AGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGTTGTGAAGAGTGTTTTCTAATTGGCATGA  7860

Qy  7861  AGGTGTCATACAGATTTGCAAAGTTTAATGGTGCCTTCATTTGGGATGCTACTCTAGTAT  7920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7861  AGGTGTCATACAGATTTGCAAAGTTTAATGGTGCCTTCATTTGGGATGCTACTCTAGTAT  7920

Qy  7921  TCCAGACCTGAAGAATCACAATATTTCTACCTGGTCTCTCCTTGTTCTGATAATGAAA  7980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7921  TCCAGACCTGAAGAATCACAATATTTCTACCTGGTCTCTCCTTGTTCTGATAATGAAA  7980

Qy  7981  ATTATGATAAGGATGATAAAAGCACTTACTTCTTGTGTCTTCGTGTCCGACTCTTCTGAGCACCTACTTA  8040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7981  ATTATGATAAGGATGATAAAAGCACTTACTTCTTGTGTCTTCGTGTCCGACTCTTCTGAGCACCTACTTA  8040

Qy  8041  CATGCCATTACTGCACTTCTTACAATAATTCTATGAGATAGGTACTATTATCCCCAT  8100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8041  CATGCCATTACTGCACTTCTTACAATAATTCTATGAGATAGGTACTATTATCCCCAT  8100

Qy  8101  TTCTTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGAAGTAGGCCGGCACGTGGCTCACGCCTGTAATCCC  8160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8101  TTCTTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGAAGTAGGCCGGCACGTGGCTCACGCCTGTAATCCC  8160

Qy  8161  AGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGGCGGATCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCCTGGC  8220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8161  AGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGGCGGATCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCCTGGC  8220

Qy  8221  TAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGCAG  8280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8221  TAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGCAG  8280

Qy  8281  ACGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGGAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCATGAACCCAGGAGG  8340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8281  ACGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGGAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCATGAACCCAGGAGG  8340

Qy  8341  CAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTGCGCGACTCAGTGCACTCCAGCCTGGGTGACAGAGTGAGA  8400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8341  CAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTGCGCGACTCAGTGCACTCCAGCCTGGGTGACAGAGTGAGA  8400

Qy  8401  CTCCATCTCAAAAAAATAAAATAAAAATAAAAATGAAAAAAAGAAAAGTGAAGTA  8460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8401  CTCCATCTCAAAAAAATAAAATAAAAATAAAAATGAAAAAAAGAAAAGTGAAGTA  8460

Qy  8461  TAGAGTATCTCATATGTTGTCAGTGATAGAAACAGGTTCAAACTCAGTCAATCTGACCG  8520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8461  TAGAGTATCTCATATGTTGTCAGTGATAGAAACAGGTTCAAACTCAGTCAATCTGACCG  8520

Qy  8521  TTTGATACATCTCAGACACACTACATTCAGTAGTTTAGTAGAATAAATAGAGAA  8580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8521  TTTGATACATCTCAGACACACTACATTCAGTAGTTTAGTAGAATAAATAGAGAA  8580

Qy  8581  GGAAGGAGATGGCTCTTCTGTTCTCATTGTGTTCTGAGTGAGCTTGAATCACAT  8640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8581  GGAAGGAGATGGCTCTTCTGTTCTCATTGTGTTCTGAGTGAGCTTGAATCACAT  8640

Qy  8641  GAAGGGGACAGCAGCAGAAACAACCAACTGATCCTCAGCTGTCATGTTCCTTTAAAAGTC  8700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8641  GAAGGGGACAGCAGCAGAAACAACCAACTGATCCTCAGCTGTCATGTTCCTTTAAAAGTC  8700

Qy  8701  CCTGAAGGAAGTGCCTGGAATGTGACTCCCTTGCTCCCTGTTGCTCTCTTGGCATTCA  8760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8701  CCTGAAGGAAGTGCCTGGAATGTGACTCCCTTGCTCCCTGTTGCTCTCTTGGCATTCA  8760

Qy  8761  TTTCTTTGGACCCTACGCCAAGGACTGTAATTGGTGGGGACAGCTAGTGGCCCTGCTGGGC  8820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8761  TTTCTTTGGACCCTACGCCAAGGACTGTAATTGGTGGGGACAGCTAGTGGCCCTGCTGGGC  8820

Qy  8821  TTCACACGGTGTCCTCCCTAGGCCAGTGCCTCTGGAGTCAGAACTCTGGTGGTATTTC  8880
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8821  TTCACACGGTGTCCTCCCTAGGCCAGTGCCTCTGGAGTCAGAACTCTGGTGGTATTTC  8880

Qy  8881  CCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCTCATTTGAGATGTATAATGGTATAATGGAAGCCACCAAGTG  8940
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8881  CCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCTCATTTGAGATGTATAATGGTATAATGGAAGCCACCAAGTG  8940

Qy  8941  GCTTAGGAGGATGCCCAGGTCCTTCCATGGAGCCACTGGGTTCCGGTTGCACATTAAAAAA  9000
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8941  GCTTAGGAGGATGCCCAGGTCCTTCCATGGAGCCACTGGGTTCCGGTTGCACATTAAAAAA  9000

Qy  9001  AAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCTAGATTCTGGAAATCAGTTCACCATGTTCA  9060
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9001  AAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCTAGATTCTGGAAATCAGTTCACCATGTTCA  9060

Qy  9061  AAAGAGTCTTTTTTTTTTTGAGACTCTATTGCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCATGAT  9120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9061  AAAGAGTCTTTTTTTTTTTGAGACTCTATTGCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCATGAT  9120

Qy  9121  CTCGGCTCACTGTAACCTCTGCCTCCCAGGTTCAAGCGATTCTCCTGTCTCCTGTCTCAGCCTCCCA  9180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9121  CTCGGCTCACTGTAACCTCTGCCTCCCAGGTTCAAGCGATTCTCCTGTCTCCTGTCTCAGCCTCCCA  9180

Qy  9181  AGTAGCTGGGATTACAGGCGTGAGCCACCATGCCCGGCTAATTTTGTATTTTTAGTAGA  9240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9181  AGTAGCTGGGATTACAGGCGTGAGCCACCATGCCCGGCTAATTTTGTATTTTTAGTAGA  9240

Qy  9241  GACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCCTCCTCGACCTCGCCC  9300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9241  GACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCCTCCTCGACCTCGCCC  9300

Qy  9301  TGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGCGTGAGCCACCGTCAAA  9360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9301  TGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGCGTGAGCCACCGTCAAA  9360

Qy  9361  AGAGTCTTAATTAATATATATCCAGATGGCATGTGTTTACTTTACTTTATGTGTACTCACTTG  9420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9361  AGAGTCTTAATTAATATATATCCAGATGGCATGTGTTTACTTTACTTTATGTGTACTCACTTG  9420

Qy  9421  GCTGCATAAATGTGTACAAGCATTCTGTCTTGAAGGGCAGTGCTTCAGGATTACCATAT  9480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db   9421 GCTGCATAAATGTGGTACAAGCCATTCTGTCTTGAAGGGCAGGTGCTTCAGGATACCATAT 9480

Qy   9481 ACAGCTCAGAGAGTTTCTTCTTTAGGCATTAAAATTTTAGCAAAGATATCTCATCTCTTCTT 9540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9481 ACAGCTCAGAGAGTTTCTTCTTTAGGCATTAAAATTTTAGCAAAGATATCTCATCTCTTCTT 9540

Qy   9541 TTAAACCATTTTCTTTTTTGTTAGAAAAGTTATGTGAGAAAAGTAAATGTGATTT 9600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9541 TTAAACCATTTTCTTTTTTGTTAGAAAAGTTATGTGAGAAAAGTAAATGTGATTT 9600

Qy   9601 ACGCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAATGAATACAATTAAAGCTGTGTATTTAATTAGCCAG 9660
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9601 ACGCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAATGAATACAATTAAAGCTGTGTATTTAATTAGCCAG 9660

Qy   9661 TGAAAAACTATTAACAACTGTCTCTATTACCTGTTAGTATTGTTGCATTAAAAATGCA 9720
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9661 TGAAAAACTATTAACAACTGTCTCTATTACCTGTTAGTATTGTTGCATTAAAAATGCA 9720

Qy   9721 TATACTTTAATAAAATGTATATACTTAATCGCTTTGTCATTTTTGAGACATTTATTTTGCTTCTAATT 9780
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9721 TATACTTTAATAAAATGTATATACTTAATCGCTTTGTCATTTTTGAGACATTTATTTTGCTTCTAATT 9780

Qy   9781 ATCTTGTGTATATACTTAATCGCTTTGTCATTTTTGGAGACATTTATTTTGCTTCTTAATTT 9840
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9781 ATCTTGTGTATATACTTAATCGCTTTGTCATTTTTGGAGACATTTATTTTGCTTCTTAATTT 9840

Qy   9841 CTTTACATTTTGTCTTACGGAATATTTTCATTCAACTGTGGTAGCCGAATTAATCGTGTT 9900
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9841 CTTTACATTTTGTCTTACGGAATATTTTCATTCAACTGTGGTAGCCGAATTAATCGTGTT 9900

Qy   9901 TCTTCACTCTAGGGACATTGTCGTCTAAGTTGTAAGACATTGGTTATTTTTACCAGCAAAC 9960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9901 TCTTCACTCTAGGGACATTGTCGTCTAAGTTGTAAGACATTGGTTATTTTTACCAGCAAAC 9960

Qy   9961 CATTCTGAAAGCATATGACAAAATATTTCTCTCTTAATATCTTACTATACTGAAAGCAGA 10020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9961 CATTCTGAAAGCATATGACAAAATATTTCTCTCTTAATATCTTACTATACTGAAAGCAGA 10020

Qy  10021 CTGCTATAAGGCTTCACTTACTCTTCTACCTCATAAGGAATATGTTACAATTAATTTATT 10080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10021 CTGCTATAAGGCTTCACTTACTCTTCTACCTCATAAGGAATATGTTACAATTAATTTATT 10080

Qy  10081 AGGTAAGCATTTGTTTTATATTTGGTTTTATTTCACCTGGGCTGGAGATTTCAAGAAACACC 10140
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10081 AGGTAAGCATTTGTTTTATATTTGGTTTTATTTCACCTGGGCTGGAGATTTCAAGAAACACC 10140

Qy  10141 CCAGTCTTCACAGTAACATATTTCACTAACACATTTACTAAACATCAGCAACTGTGGCCT 10200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10141 CCAGTCTTCACAGTAACATATTTCACTAACACATTTACTAAACATCAGCAACTGTGGCCT 10200

Qy  10201 GTTAATTTTTTTAATAGAAATTTTAAGTCCTGTGTTTTTCGGTGTTTTTTAAGCTTAA 10260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10201 GTTAATTTTTTTTAATAGAAATTTTAAGTCCTGTGTTTTTCGGTGTTTTTTAAGCTTAA 10260

Qy  10261 TTTTTCTGGCTTATTCATTCAACCTCTGGCAAAATCTTAAGGTCAACTACATTTGAAAAATCAAAGACCTG 10320
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10261 TTTTTCTGGCTTATTCACCTCTGGCAAAATCTTAAGGTCAACTACATTTGAAAAATCAAAGACCTG 10320

Qy  10321 CATTTTAAATTCTTATTCTTCTGGCAAAACCATTCACAAACCATGGTAGTAAAGAGAA 10380
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10321 CATTTTAAATTCTTATTCTTCTGGCAAAACCATTCACAAACCATGGTAGTAAAGAGAA 10380

Qy  10381 GGGTGACACCTGGTGGCCATAGGTAAATGTACCACGGTCCGTGACCAGAGATGCAG 10440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10381 GGGTGACACCTGGTGGCCATAGGTAAATGTACCACGGTCCGTGACCAGAGATGCAG 10440

Qy  10441 CGCTGAGGGTTTTCCTGAAGGTAAAGAATAAAGCCGTGAGGGGCCGTCACTGAA 10500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10441 CGCTGAGGGTTTTCCTGAAGGTAAAGAATAAAGGGTGAGGGGCCGTCACTGGAA 10500

Qy  10501 ATCACTTGTAGAGAAAAAGCCCTGAAAATTGAGAAAAACAAACAAAACAAGAAAACTACTTACCAG 10560
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10501 ATCACTTGTAGAGAAAAAGCCCTGAAAATTGAGAAAAACAAACAAAACAAGAAAACTACTTACCAG 10560

Qy  10561 CTATTTGAATTGCTGAAATCACAGGCCATTGCTGAGCTGCCTGAACTGGGAACACAACAG 10620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10561 CTATTTGAATTGCTGAAATCACAGGCCATTGCTGAGCTGCCTGAACTGGGAACACAACAG 10620

Qy  10621 AAGGAAACAAACCACTCTGATAATCATTGAGTCAAGTACAGCAGGTGATTGAGGACTGC 10680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10621 AAGGAAACAAACCACTCTGATAATCATTGAGTCAAGTACAGCAGGTGATTGAGGACTGC 10680

Qy  10681 TGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTTATGTTGTATTATAAATGTCATCTTATAATACTGT 10740
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10681 TGAGAGGTACAGGCCCAAAATTCTTATGTTGTATTATAAATGTCATCTTATAATACTGT 10740

Qy  10741 CAGTATTTTATAAAACATTCTCACAAACTCACACACATTTAAAAACAAAACACTGTCTC 10800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10741 CAGTATTTTATAAAAACATTCTCACAAACTCACACACATTTAAAAACAAAACACTGTCTC 10800

Qy  10801 TAAAATCCCCAAATTTTCATAAAC 10825
          ||||||||||||||||||||||||
Db  10801 TAAAATCCCCAAATTTTCATAAAC 10825
```

RESULT 6
US-08-834-497A-1

; Sequence 1, Application US/08834497A
; Patent No. 6140305
GENERAL INFORMATION:
   APPLICANT: Thomas, Winston J.
   APPLICANT: Drayna, Dennis T.
   APPLICANT: Feder, John N.
   APPLICANT: Gnirke, Andreas
   APPLICANT: Ruddy, David
   APPLICANT: Tsuchihashi, Zenta
   APPLICANT: Wolff, Roger K.
   TITLE OF INVENTION: HEREDITARY HEMOCHROMATOSIS GENE PRODUCTS
   NUMBER OF SEQUENCES: 76
   CORRESPONDENCE ADDRESS:
     ADDRESSEE: Pennie & Edmonds LLP
     STREET: 1155 Avenue of the Americas
     CITY: New York
     STATE: New York
     COUNTRY: USA
     ZIP: 10036-2811
   COMPUTER READABLE FORM:
     MEDIUM TYPE: Floppy disk
     COMPUTER: IBM PC Compatible
     OPERATING SYSTEM: Windows 95
     SOFTWARE: FastSEQ for Windows Version 2.0b
   CURRENT APPLICATION DATA:
     APPLICATION NUMBER: US/08/834,497A
     FILING DATE: 04-APR-1997
     CLASSIFICATION: 514
   PRIOR APPLICATION DATA:
     APPLICATION NUMBER: US 08/652,265
     FILING DATE: 23-MAY-1996
     CLASSIFICATION: 514
   PRIOR APPLICATION DATA:
     APPLICATION NUMBER: US 08/632,673
     FILING DATE: 16-APR-1996
     CLASSIFICATION: 514
   PRIOR APPLICATION DATA:
     APPLICATION NUMBER: US 08/630,912
     FILING DATE: 04-APR-1996
     CLASSIFICATION: 514
   ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
     NAME: Poissant, Brian M.
     REGISTRATION NUMBER: 28,462
     REFERENCE/DOCKET NUMBER: 8907-0056-999
   TELECOMMUNICATION INFORMATION:
     TELEPHONE: 650-493-4935
     TELEFAX: 650-493-5556
     TELEX: 66141 PENNIE
INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1:

```
Db  1261 TTTCACTAGGCATAGGGAGGTAGGAGCTAATAATACGTTTATTTTACTAGAAGTTAACT 1320

Qy  1321 GGAATTCAGATTATATAAACTCTTTTCAGGTTACAAAGAACATAAATAATCTGGTTTTCTG 1380
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1321 GGAATTCAGATTATATAAACTCTTTTCAGGTTACAAAGAACATAAATAATCTGGTTTTCTG 1380

Qy  1381 ATGTTATTTCAAGTACTACAGCTGCTTCTAATCTGATTTTGACAGTGATTTTGCCCTGTAG 1440
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1381 ATGTTATTTCAAGTACTACAGCTGCTTCTAATCTGATTTTGACAGTGATTTTGCCCTGTAG 1440

Qy  1441 TGTAGCACAGTGTTCTGTGGGTCACACGCCGGCCTCAGCACAGCACTTTGAGTTTGGTA 1500
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1441 TGTAGCACAGTGTTCTGTGGGTCACACGCCGGCCTCAGCACAGCACTTTGAGTTTGGTA 1500

Qy  1501 CTACGTGTATCCACATTTTACACATGACAAGAATGAGGCATGGCACGGCCTGCTTCCTGG 1560
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1501 CTACGTGTATCCACATTTTACACATGACAAGAATGAGGCATGGCACGGCCTGCTTCCTGG 1560

Qy  1561 CAAATTTATTCAATGTACTGGGCTTTGTGTGGCGAGCTCATGTCTCCACTTCATAGC 1620
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1561 CAAATTTATTCAATGTACTGGGCTTTGTGTGGCGAGCTCATGTCTCCACTTCATAGC 1620

Qy  1621 TATGATTCTTAAACATCACACTGCATTAGAGGTTGAATAATAAAATTCATGTTGAGCAG 1680
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1621 TATGATTCTTAAACATCACACTGCATTAGAGGTTGAATAATAAAATTCATGTTGAGCAG 1680

Qy  1681 AAATAATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGTCCCAGCCATGTGTTGCACTGTTCAAGCCC 1740
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1681 AAATAATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGTCCCAGCCATGTGTTGCACTGTTCAAGCCC 1740

Qy  1741 CAAGGGAGAGCAGGCAGGGAAACAAGTCTTTACCCTTGATATTTTGCATTCTAGTCGGAGA 1800
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1741 CAAGGGAGAGCAGGCAGGGAAACAAGTCTTTACCCTTGATATTTTGCATTCTAGTCGGGAGA 1800

Qy  1801 GATGACAATAAGCAAATGAGCAGAAAGATATACAACATCAGGAAATCATGGGTGTTGTGA 1860
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1801 GATGACAATAAGCAAATGAGCAGAAAGATATACAACATCAGGAAATCATGGGTGTTGTGA 1860

Qy  1861 GAAGCAGAGAGTCAGGGCAAGTCACTCTGGGCTGACACTTGAGCAGCAGACATGAAGGA 1920
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1861 GAAGCAGAGAGTCAGGGCAAGTCACTCTGGGCTGACACTTGAGCAGCAGACATGAAGGA 1920

Qy  1921 AATAAGAATGATATTGACTGGGAGCAGTATTTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCCTGGCAAG 1980
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1921 AATAAGAATGATATTGACTGGGAGCAGTATTTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCCTGGCAAG 1980

Qy  1981 TTGGATTAAAAAGCGGGTTTCTCAGCACTACTCATGTGTGTGTGTGGGGGGGGGGG 2040
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1981 TTGGATTAAAAAGCGGGTTTCTCAGCACTACTCATGTGTGTGTGTGGGGGGGGGGG 2040

Qy  2041 CGGCGTGGGGGTGGGAAGGGGGACTACCACTCACTGAGGCCAAGAAGTAGGTCTAGCAGTATCCTGT 2100
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2041 CGGCGTGGGGGTGGGAAGGGGGACTACCACTCACTGAGGCCAAGAAGTAGGTCTAGCAGTATCCTGT 2100

Qy  2101 CCTCCCACTCACTAGGTGCTAGGAGCACTCCCCCAGTCTTGACAACCAAAAATGTCTCT 2160
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2101 CCTCCCACTCACTAGGTGCTAGGAGCACTCCCCCAGTCTTGACAACCAAAAATGTCTCT 2160

Qy  2161 AAACTTTGCCCACATGTCACCTAGTAGACAAACTCCTGGTTAAGAAGCTCGGGTTGAAAAA 2220
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2161 AAACTTTGCCCACATGTCACCTAGTAGACAAACTCCTGGTTAAGAAGCTCGGGTTGAAAAA 2220

Qy  2221 AATAAACAAGTAGTGCTTGGGGAGTAGGAGGCCAAGAAGTAGGTAATGGGCTCAGAAGAGGA 2280
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2221 AATAAACAAGTAGTGCTTGGGGAGTAGGAGGCCAAGAAGTAGGTAATGGGCTCAGAAGAGGA 2280

Qy  2281 GCCACAAACAAGGTTGTGCAGGCGGCCTGTGGTCTGAATTCTAGCCAAGGAGTA 2340
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2281 GCCACAAACAAGGTTGTGCAGGCGGCCTGTGGTCTGAATTCTAGCCAAGGAGTA 2340

Qy  2341 ACAGTGATCTGTCACAGGCTTTCACAGGCTTTCACAGGCTCTGGCGTGCGCTGGCGTGTGGCTATGTGAATGTGCTATGTGGGAAAGCAGAATG 2400
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2341 ACAGTGATCTGTCACAGGCTTTCACAGGCTCTGGCGTGCGCTGGCGTGTGGCTATGTGAATGTGCTATGTGGGAAAGCAGAATG 2400
```

```
Db  2401 AAGGGAGCAACAGTAAAAGCAGGAGGCCCAGCCAGGAAGCTGTTACACAGTCCAGGCAAG 2460
Qy       AAGGGAGCAACAGTAAAAGCAGGAGGCCCAGCCAGGAAGCTGTTACACAGTCCAGGCAAG 2460
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Qy  2461 AGGTAGTGGAGTGGGCTGGGTGGGAACAGAAAAGGGAGTGACAAACCATTGTCTCCTGAA 2520
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2461 AGGTAGTGGAGTGGGCTGGGTGGGAACAGAAAAGGGAGTGACAAACCATTGTCTCCTGAA 2520

Qy  2521 TATATTCTGAAGGAAGTTGCTGAAGATTCATGTGTGAGAGAAAGAAGAAGAATTGG 2580
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2521 TATATTCTGAAGGAAGTTGCTGAAGATTCTATGTGTGTGAGAGAAAGAAGAAGAATTGG 2580

Qy  2581 CTGGGTGTAGTAGCTCATGCCAAGGAGGAGCCAAGGAGGAGCAGATTCCTGAGCTCAGGA 2640
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2581 CTGGGTGTAGTAGCTCATGCCAAGGAGGAGCCAAGGAGGAGCAGATTCCTGAGCTCAGGA 2640

Qy  2641 GTTCAAGACCAGCCTGGCAACACAGCAAACCCCTTCTCTACAAAAATTACAAAAAAATTA 2700
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2641 GTTCAAGACCAGCCTGGCAACACAGCAAACCCCTTCTCTACAAAAATTACAAAAAAATTA 2700

Qy  2701 GCTGGGGTGGTGGCATGGCATGCCTAGCTACTCGGGAGGCTGAGTGGGAGGGTA 2760
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2701 GCTGGGGTGGTGGCATGGCATGCCTAGCTACTCGGGAGGCTGAGTGGGAGGGTA 2760

Qy  2761 TTGCTTGAGCCCAGGAGGTTGAGGCTGCAGTTGAGCCCATGTGCCACTGTTACTTCAGC 2820
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2761 TTGCTTGAGCCCAGGAGGTTGAGGCTGCAGTTGAGCCCATGTGCCACTGTTACTTCAGC 2820

Qy  2821 CTAGGTGACAGAGCAAGACCCTGTCTCCCCTGAAAAAGAGAGAGAGTTAAAGT 2880
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2821 CTAGGTGACAGAGCAAGACCCTGTCTCCCCTGAAAAAGAGAGAGAGTTAAAGT 2880

Qy  2881 TGACTTTGTTCTTTATTTTAATTTATTGGCCTGAGCAGTGGGTAATTGGCAATGCCAT 2940
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2881 TGACTTTGTTCTTTATTTTAATTTATTGGCCTGAGCAGTGGGTAATTGGCAATGCCAT 2940

Qy  2941 TTCTGAGATGGTGAAGGCAGAGAAAGAGAAAGCAGTTTGGGTAAATCAAGGATCTCGATTTG 3000
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2941 TTCTGAGATGGTGAAGGCAGAGAAAGAGAAAGCAGTTTGGGTAAATCAAGGATCTCGATTTG 3000

Qy  3001 GGACAGTGTTAAGTTTGAGATTCCAGTCCAAGTGGTGAGGCCCACATAGGCAGTT 3060
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3001 GGACAGTGTTAAGTTTGAGATTCCAGTCCAAGTGGTGAGGCCCACATAGGCAGTT 3060

Qy  3061 CAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGGCACGGTGGCTCACTTCTGTAATCCCAGCACT 3120
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3061 CAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGGCACGGTGGCTCACTTCTGTAATCCCAGCACT 3120

Qy  3121 TTGGTGGCTGAGGCAGGTAGATCATTTGAGGTCAGGAGTTTGAGACCAAGCCTGGCCAACA 3180
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3121 TTGGTGGCTGAGGCAGGTAGATCATTTGAGGTCAGGAGTTTGAGACCAAGCCTGGCCAACA 3180

Qy  3181 TGGTGAAACCCCATGTCTACTAAAAATACAAAAATTAGCCTGGTGTGGTGGCGCACGCCT 3240
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3181 TGGTGAAACCCCATGTCTACTAAAAATACAAAAATTAGCCTGGTGTGGTGGCGCACGCCT 3240

Qy  3241 ATAGTCCCAGGTTTCAGGAGGCTTAGGTAGGAGAATCCCTTGAACCCAGGAGGTGCAGG 3300
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3241 ATAGTCCCAGGTTTCAGGAGGCTTAGGTAGGAGAATCCCTTGAACCCAGGAGGTGCAGG 3300

Qy  3301 TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGATAGAGTGAGACTCTGT 3360
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3301 TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGATAGAGTGAGACTCTGT 3360

Qy  3361 CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATTTGGG 3420
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3361 CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATTTGGG 3420

Qy  3421 TCTTAATTTGCCCTGAGCCACCAACTCCTGAGTTCAACTACCATGGCTTAGACACCTTAAC 3480
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3421 TCTTAATTTGCCCTGAGCCACCAACTCCTGAGTTCAACTACCATGGCTTAGACACCTTAAC 3480
```

```
Qy  3481  ATTTTCTAGAATCCACCAGCTTTAGTGGAGTCTGTCTAATCATGAGTATTGGAATAGGAT  3540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3481  ATTTTCTAGAATCCACCAGCTTTAGTGGAGTCTGTCTAATCATGAGTATTGGAATAGGAT  3540

Qy  3541  CTGGGGCCAGTGAGGGGTGGCAGCCACGTGGCAGCCACCGTGTGCGCAGCAGACACAGAAAGAGAGC  3600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3541  CTGGGGCCAGTGAGGGGTGGCAGCCACGTGGCAGCCACCGTGTGCGCAGCAGACACAGAAAGAGAGC  3600

Qy  3601  ACCCAGGACTGTCATATGGAAGAAGACACAGGAGGACTGCAACTCACCCTTCACAAAATGAGGA  3660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3601  ACCCAGGACTGTCATATGGAAGAAGACACAGGAGGACTGCAACTCACCCTTCACAAAATGAGGA  3660

Qy  3661  CCAGACACAGCTGATGGTATGGATGGCAGGTGTGTGGAGCCTCAACATCCTGCTCCC  3720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3661  CCAGACACAGCTGATGGTATGGATGGCAGGTGTGTGGAGCCTCAACATCCTGCTCCC  3720

Qy  3721  CTCCTACTACACATGGTTAAGGCCTGTTGCTCTGTCTCCAGGTTCACACTCTTCTGCACTA  3780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3721  CTCCTACTACACATGGTTAAGGCCTGTTGCTCTGTCTCCAGGTTCACACTCTTCTGCACTA  3780

Qy  3781  CCTCTTCATGGGTGCCTCAGAGCAGGAGACCTTGGCTCTTTCCTTGTTGAAGCTTTGGGCTA  3840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3781  CCTCTTCATGGGTGCCTCAGAGCAGGAGACCTTGGTCTTTCCTTGTTGAAGCTTTGGGCTA  3840

Qy  3841  CGTGGATGACCAGCTGTTCGTGTTCGTGTTCTATGATCATGAGAGTCGGCTGCAGCTGAGTCAGAGTCTGAA  3900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3841  CGTGGATGACCAGCTGTTCGTGTTCGTGTTCTATGATCATGAGAGTCGGCTGCAGCTGAGTCAGAGTCTGAA  3900

Qy  3901  TCCATGGGTTTCCAGTAGAATTCAAGCCAGATTGGCTGCAGACTATTATGGAAAATCACAACCACAG  3960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3901  TCCATGGGTTTCCAGTAGAATTCAAGCCAGATTGGCTGCAGACTATTATGGAAAATCACAACCACAG  3960

Qy  3961  AGGGTGGGATCACATGTCACTGTTGACTTCTGACTTCTCCTGAGGTTGTCAGGGAGCAGGGGAG  4020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3961  AGGGTGGGATCACATGTCACTGTTGACTTCTGACTTCTCCTGAGGTTGTCAGGGAGCAGGGGAG  4020

Qy  4021  CAAGGGTATGTGGAGAGGGGGCCTCACCTTCACCTTCCTGAGGTCTTGGGAGCCAGGAAGACAGCTG  4080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4021  CAAGGGTATGTGGAGAGGGGGCCTCACCTTCACCTTCCTGAGGTCTTGGGAGCCAGGAAGACAGCTG  4080

Qy  4081  ATGCATCTTGAAGGAAAACAGCTGAATGCATCATTTGGTTCCTGAGAATCTTTCAGAGACTTTTCATCTTTTC  4140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4081  ATGCATCTTGAAGGAAAACAGCTGAATGCATCATTTGGTTCCTGAGAATCTTTCAGAGACTTTTCATCTTTTC  4140

Qy  4141  GAATTTGCTTCCTGCGAATCATTTGGTTCCTGGGGATGGTGAAATAGGGACCTATTCCTT  4200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4141  GAATTTGCTTCCTGCGAATCATTTGGTTCCTGGGGATGGTGAAATAGGGACCTATTCCTT  4200

Qy  4201  TGGTTGCAGTTAACAAGGCTGGGGGATTTTTCCAGACTCCCACACCCTGCAGGTCATCCTG  4260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4201  TGGTTGCAGTTAACAAGGCTGGGGGATTTTTCCAGACTCCCACACCCTGCAGGTCATCCTG  4260

Qy  4261  GGCTGTGAAATGCAAGAAGACAACAGTAGCGGCTACGGGTATGATGGG  4320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4261  GGCTGTGAAATGCAAGAAGACAACAGTAGCGGCTACGGGTATGATGGG  4320

Qy  4321  CAGGAGAGGGACTGAATTCTGCCCTGATTGGAGAGCAGCAGCAGAACCCAGGGCC  4380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4321  CAGGAGAGGGACTGAATTCTGCCCTGATTGGAGAGCAGCAGCAGAACCCAGGGCC  4380

Qy  4381  TGGCCCACCAAGCTGGAAGTGGGCAACAAGGCACAAGATTCGGGCCAGGCCAGGGGCCTAC  4440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4381  TGGCCCACCAAGCTGGAAGTGGGCAACAAGGCACAAGATTCGGGCCAGGCCAGGGGCCTAC  4440

Qy  4441  CTGGAGAGGGACTGCCCTGCACAGTCTGCCCTGACACACTTCGCCCTATACTTCAGTGGCAGAGTGGAGG  4500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4441  CTGGAGAGGGACTGCCCTGCACAGTCTGCCCTGACACACTTCGCCCTATACTTCAGTGGCAGAGTGGAGG  4500

Qy  4501  GACCAACAAGGTATGGTGGAAAACACCCTGAATCTCTAGTGGCAGAGTCTGTGCCTC  4560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4501  GACCAACAAGGTATGGTGGAAAACACCCTGAATCTCTAGTGGCAGAGTCTGTGCCTC  4560
```

```
Db  4561  AGGTTGCAGGGCACGGAATCCCTGGTTGGAGTTTCAGAGGTGGCTGAGGTGTGTGCCTC  4620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  4561  AGGTTGCAGGGCACGGAATCCCTGGTTGGAGTTTCAGAGGTGGCTGAGGTGTGTGCCTC  4620

Qy  4621  TCCAAATTCTGGGAAGGGACTTTCTCAATCCTTATAATTGGCTCACCTTATAATTGAGATGTA  4680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4621  TCCAAATTCTGGGAAGGGACTTTCTCACCTTATAATTGAGATGTA  4680

Qy  4681  TGAGACAGCCACAAGTCATGGGTTAATTCTTTCTTTCCATGCATATGGCTCAAAGGGAA  4740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4681  TGAGACAGCCACAAGTCATGGGTTAATTCTTTCTTTCCATGCATATGGCTCAAAGGGAA  4740

Qy  4741  GTGTCTATGGCCCTTGCTTTATTTAACCAATAATCTTTGTATATTTATACCTGTTAA  4800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4741  GTGTCTATGGCCCTTGCTTTATTTAACCAATAATCTTTGTATATTTATACCTGTTAA  4800

Qy  4801  AAATTCAGAAATGTCAAGGCCGGGCACGGTGGCTCACCCCTGTAATCCCAGCACTTTGGG  4860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4801  AAATTCAGAAATGTCAAGGCCGGGCACGGTGGCTCACCCCTGTAATCCCAGCACTTTGGG  4860

Qy  4861  AGGCCGAGGCGGGTGGTCACAAGGTCAGGAGTTGAGACCAGCCTGACCAACATGGTGAA  4920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4861  AGGCCGAGGCGGGTGGTCACAAGGTCAGGAGTTGAGACCAGCCTGACCAACATGGTGAA  4920

Qy  4921  ACCCGTCTCTAAAAATACAAAAATTAGCTGGGCAGGAGCATCGCTTGAACCTGGGAGGCTA  4980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4921  ACCCGTCTCTAAAAATACAAAAATTAGCTGGGCAGGAGCATCGCTTGAACCTGGGAGGCTA  4980

Qy  4981  GCTAATTGGAAGGCGTGAGCCGAGATCCGCCACTGCACTCAGGCAGTGACTGAGACTCGACTGCACTGA  5040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4981  GCTAATTGGAAGGCGTGAGCCGAGATCCGCCACTGCACTCAGGCAGTGACTGAGACTCGACTGCACTGA  5040

Qy  4981  GCCAAGATCGCGCCACTGCCACTCAGGCAGTCTCAGCTATCATGAATACCAGGACAAA  5100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4981  GCCAAGATCGCGCCACTGCCACTCAGGCAGTCTCAGCTATCATGAATACCAGGACAAA  5100

Qy  5101  AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAATTCAGAGATAAGAATCCTTAGGTTAAAAGTTTCTTTCAT  5160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5101  AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAATTCAGAGATAAGAATCCTTAGGTTAAAAGTTTCTTTCAT  5160

Qy  5161  ATATCAAGTGAGGCCACTTATCATCAGAGTAGAAGATAACTACCTATCTTACAGTTCCGCTTCTTATAACAATGC  5220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5161  ATATCAAGTGAGGCCACTTATCATCAGAGTAGAAGATAACTACCTATCTTACAGTTCCGCTTCTTATAACAATGC  5220

Qy  5221  AGAACATAGCAATAATCACTGAAGCATCTTACAGTCGAGTCGGCCATTCCTT  5280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5221  AGAACATAGCAATAATCACTGAAGCATCTTACAGTCGAGTCGGCCATTCCTT  5280

Qy  5281  CTCCTAGGTTGACCCAGGTGAAACTGAAAACTGACCATCGTATTCAATGCACATAA  5340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5281  CTCCTAGGTTGACCCAGGTGAAACTGAAAACTGACCATCGTATTCAATGCACATAA  5340

Qy  5341  AGGGCCAATTTTATCTATCAGAACATGGGTAACAGATGTATTTACATGTG  5400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5341  AGGGCCAATTTTATCTATCAGAACATGGGTAACAGATGTATTTACATGTG  5400

Qy  5401  AGGAGAACAAGCTGATCTGACTGCTCTCCCAAGTGCCTCCTTGGTGAAGGTCCAATCTTAGG  5460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5401  AGGAGAACAAGCTGATCTGACTGCTCTCCCAAGTGCCTCCTTGGTGAAGGTCCAATCTTAGG  5460

Qy  5461  ACACAAAATGGTGTCTCTCCCGTGTTTTTTCTGAAAAGGGTATTTCCTTCCTCTCC  5520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5461  ACACAAAATGGTGTCTCTCCCGTGTTTTTTCTGAAAAGGGTATTTCCTTCCTCTCC  5520

Qy  5521  AACCTATAGAAGAAGGAAGTGAAAGTTCCAGTCTTCCTGGCAAGGGTAAACAGATCCCCTCTC  5580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5521  AACCTATAGAAGAAGGAAGTGAAAGTTCCAGTCTTCCTGGCAAGGGTAAACAGATCCCCTCTC  5580

Qy  5581  CTCATCCTTCCTCTTTCCTGTCAAGTGCCTCCTTGGTGAAGGTGACACATCATGTGACC  5640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5581  CTCATCCTTCCTCTTTCCTGTCAAGTGCCTCCTTGGTGAAGGTGACACATCATGTGACC  5640

Qy  5641  TCTTCAGTGACCACTCTACCGGTGTCGGGGCCTTGAACTACTCACCCCAGAACATCACCATG  5700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db  5641 TCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGGCCTTGAACTACTACCCCAGAAACATCACCATG 5700

Qy  5701 AGTTGGCTGAAGGATAAGCAGCCAATGGATCAGCCAAGGAGTTCGAACGTATTG 5760
         ||||||||||||||||| |||| ||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5701 AGTTGGCTGAAGGATAAGCAGCCAATGGATCAGCCAAGGAGTTCGAACGTATTG 5760

Qy  5761 CCCAATGGGATGGCGATGGACCTACCAGGGCTGGATAACCTTGGCTGTGTACCCCCTGGGGAAGAG 5820
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5761 CCCAATGGGATGGCGATGGACCTACCAGGGCTGGATAACCTTGGCTGTGTACCCCCTGGGGAAGAG 5820

Qy  5821 CAGAGATATACGTACCAGGTGAGCACCAGGCCTGGATCAGCCCCTCATTGTGATCTGG 5880
         ||||||||||| ||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5821 CAGAGATATACGTGCCAGGTGAGCACCAGGCCTGGATCAGCCCCTCATTGTGATCTGG 5880

Qy  5881 GGTATGTGACTGAATGAGAGCCAGGAGGCTGAGAAAATCTATTGGGGGTTGAGAGGAGTGCC 5940
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5881 GGTATGTGACTGAATGAGAGCCAGGAGGCTGAGAAAATCTATTGGGGGTTGAGAGGAGTGCC 5940

Qy  5941 TGAGGAGGTAATTATGTACGCAGTGAGATGAGGACTCGCTCTTGTTTGTTAGGGGCTGGGCTGAGG 6000
         |||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5941 TGAGGAGGTAATTATGTACGCAGTGAGATGAGGACTCGCTCTTGTTTGTTAGGGGGTGGGCTGAGG 6000

Qy  6001 GTGGCAATCAAAGGCTTTAACTTGCTTTTCTGTTTAGAGCCCTCACCGTCTGGCACCC 6060
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6001 GTGGCAATCAAAGGCTTTAACTTGCTTTTCTGTTTAGAGCCCTCACCGTCTGGCACCC 6060

Qy  6061 TAGTCATTGGAGTCATCAGTGGAATTGCTGTTTGTCGTCGTTCGTTCATTGGAATTT 6120
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6061 TAGTCATTGGAGTCATCAGTGGAATTGCTGTTTGTCGTCGTTCATTGGAATTT 6120

Qy  6121 TGTTCATAATATTAAGGAAGAGCAGGGTTCAAGTGACTAGGAACAAGGGGAAGTCTCT 6180
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6121 TGTTCATAATATTAAGGAAGAGCAGGGTTCAAGTGAGTAGGAACAAGGGGGAAGTCTCT 6180

Qy  6181 TAGTACCCTGCCCCAGGCACAGTGGAAGGGCACAGAGGGGATCTGGCATCCATGGG 6240
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6181 TAGTACCCTGCCCCAGGCACAGTGGAAGGGCACAGAGGGGATCTGGCATCCATGGG 6240

Qy  6241 AAGCATTTTTCTCATTTATATTCTTTGGGGACACCAGCAGCTCCCTGGGAGACAGAAAAT 6300
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6241 AAGCATTTTTCTCATTTATATTCTTTGGGGACACCAGCAGCTCCCTGGGAGACAGAAAAT 6300

Qy  6301 AATGGTTCTCCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCAACAAAACATCTTCAGAGCACCTACTAT 6360
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6301 AATGGTTCTCCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCAACAAACATCTTCAGAGCACCTACTAT 6360

Qy  6361 TTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTAGTAGTACAGGCAGGGCTTTGAGGTTGAGAAGTCACTGTGGCTAT 6420
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6361 TTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTAGTAGTACAGGCAGGGCTTTGAGGTTGAGAAGTCACTGTGGCTAT 6420

Qy  6421 TCTCAGAACCCAAATCTGGTAGGGAATGAAATTGATAGCAAGTAAATGTAGTTAAAGAAG 6480
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6421 TCTCAGAACCCAAATCTGGTAGGGAATGAAATTGATAGCAAGTAAATGTAGTTAAAGAAG 6480

Qy  6481 ACCCATGAGGGTCTAAAGCAGGCAGAAGCAAATGCTTAGGGTGTCAAAGGAAAGAATG 6540
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6481 ACCCATGAGGGTCTAAAGCAGGCAGAAGCAAATGCTTAGGGTGTCAAAGGAAAGAATG 6540

Qy  6541 ATCACATTCAGCTGGGATCAAGATAGCCTTCTGGATCTTGAAGGAGAAGCTGGATTCCA 6600
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6541 ATCACATTCAGCTGGGATCAAGATAGCCTTCTGGATCTTGAAGGAGAAGCTGGATTCCA 6600

Qy  6601 TTAGGTGAGGTTGAAGATGATGGGAGTCTACACAGACGGAGCAACCATGCCAAGTAGGA 6660
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6601 TTAGGTGAGGTTGAAGATGATGGGAGTCTACACAGACGGAGCAACCATGCCAAGTAGGA 6660

Qy  6661 GAGTATAAGGACATACTGGGAGATTAGAAATATTACTGTACCTTAACCCTGAGTTTGCCT 6720
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6661 GAGTATAAGGACATACTGGGAGATTAGAAATATTACTGTACCTTAACCCTGAGTTTGCGT 6720

Qy  6721 AGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCTACCCCCTGAACATCTGTGGTGTAGGGAAAAGA 6780
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6721 AGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCTACCCCCTGAACATCTGTGGTGTAGGGAAAAGA 6780
```

```
Qy  6781 GAATCAGAAAGAAGCCAGCTCATACAGAGTCCAAGGGTTCTTTGGGATATTGGGTTATGA 6840
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6781 GAATCAGAAAGAAGCCAGCTCATACAGAGTCCAAGGGTCTTTTGGGATATTGGGTTATGA 6840

Qy  6841 TCACTCGGGTGTCATTGAAGGATCCTAAGAAAGCGAGGACCACGATCTCCCTTATATGGTG 6900
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6841 TCACTCGGGTGTCATTGAAGGATCCTAAGAAAGGGAGGACCACGATCTCCCTTATATGGTG 6900

Qy  6901 AATGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGTGAGGAGTGAGGAGACCAGTTAGAAAGCCAATAAGCAT 6960
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6901 AATGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGTGAGGAGTGAGGAGACCAGTTAGAAAGCCAATAAGCAT 6960

Qy  6961 TTCCAGATGAGAGATAATGTTCTTGAAATCCTAAATGTGCCCAGGTCTAAATTGAGATGG 7020
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6961 TTCCAGATGAGAGATAATGTTCTTGAAATCCTAAATGTGCCCAGGTCTAAATTGAGATGG 7020

Qy  7021 GTGAATGAGGAAAATAAGGAAGAGAGAAGAGGCAAGATGGTGCCAAGATGGTTGTGATGCCT 7080
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7021 GTGAATGAGGAAAATAAGGAAGAGAGAAGAGGCAAGATGGTGCCAAGATGGTTGTGATGCCT 7080

Qy  7081 CTTTCCTGGGTCTCTTGTCTCCCACAGGAGGAGCCCTACAGTCCTTAGCTCTAGCTGAACG 7140
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7081 CTTTCCTGGGTCTCTTGTCTCCCACAGGAGGAGCCCTACAGTCCTTAGCTCTAGCTGAACG 7140

Qy  7141 TGAGTGACACGCAGCCTGCAGACTCACTGTGGGAAGGAGACAAAACTAGAGACTCAAAGA 7200
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7141 TGAGTGACACGCAGCCTGCAGACTCACTGTGGGAAGGAGACAAAACTAGAGACTCAAAGA 7200

Qy  7201 GGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCAGTGTTTCAGGATGTTCAGGAGAGAGTTGAACCTAAACATAGAAATT 7260
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7201 GGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCAGTGTTTCAGGATGTTCAGGAGAGAGTTGAACCTAAACATAGAAATT 7260

Qy  7261 GCCTGACGAACTCCTTGATTTTAGCCTTCATTTCCTGTTCATTTCCTCAAAAAGATTTCCCCAT 7320
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7261 GCCTGACGAACTCCTTGATTTTAGCCTTCATTTCCTGTTCATTTCCTCAAAAAGATTTCCCCAT 7320

Qy  7321 TTAGGTTTCTGAGTTCCTGCATGCCGGTGATCCCTGACCTGTCCCCTGAACCTG 7380
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7321 TTAGGTTTCTGAGTTCCTGCATGCCGGTGATCCCTGACCTGTCCCCTGAACCTG 7380

Qy  7381 TCTCTCATGAACCTCAAGCTGCATCTAGAGGCTTCCTCGTCACCTCAGAG 7440
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7381 TCTCTCATGAACCTCAAGCTGCATCTAGAGGCTTCCTCGTCACCTCAGAG 7440

Qy  7441 ACATACACCTATGTCATTTCATTTCATTTCCTATTTTTGGAAGAGGACTCCTTAAATTTGGGGGA 7500
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7441 ACATACACCTATGTCATTTCATTTCATTTCCTATTTTTGGAAGAGGACTCCTTAAATTTGGGGGA 7500

Qy  7501 CTTACATGATTCATTTAACCATCTGAGAAAAGCTTGAACCCTGGGACGTGGCTAGTCAT 7560
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7501 CTTACATGATTCATTTAACCATCTGAGAAAAGCTTGAACCCTGGGACGTGGCTAGTCAT 7560

Qy  7561 AACCTTACCAGATTTTACACATGTATGCATTCTATGCATTTTCTGACCCGTTCAACTTTTCCT 7620
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7561 AACCTTACCAGATTTTACACATGTATGCATTCTATGCATTTTCTGACCCGTTCAACTTTTCCT 7620

Qy  7621 TTGAATCCTCTCTGTGTTACCCCAGGAAGCCTTGGGATTCTTC 7680
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7621 TTGAATCCTCTCTGTGTTACCCCAGGAAGCCTTGGGATTCTTC 7680

Qy  7681 CATCTCGATTGTGATGTGAGTTGCACAGCTGTACACTGCAGAATGGAAGAG 7740
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7681 CATCTGATTGTGATGTGAGTTGCACAGCTGTACACTGCAGAATGGAAGAG 7740

Qy  7741 GCAACCTGTCCCAGAAAAAGCCATCATGGCTATCGTGTGGGTAGTATGATGGTGTTTTTAGC 7800
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7741 GCAACCTGTCCCAGAAAAAGCCATCATGGCTATCGTGTGGGTAGTATGATGGGTGTTTTTAGC 7800

Qy  7801 AGGTAGGAGGCAAAATATCTTGAAAGGGGTGTGAAGAGGGTGTTTTTCTAATTGGCATGA 7860
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7801 AGGTAGGAGGCAAAATATCTTGAAAGGGGTGTGAAGAGGGTGTTTTTCTAATTGGCATGA 7860
```

```
Qy  7861 AGGTGTCATACAGATTTGCAAAGTTTAATGGTGCCTTCATTTGGGATGCTACTCTAGTAT 7920
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7861 AGGTGTCATACAGATTTGCAAAGTTTAATGGTGCCTTCATTTGGGATGCTACTCTAGTAT 7920

Qy  7921 TCCAGACCTGAAGAATCACAATAAATTTTCTACCTGGTCTCCTTGTTCTGATAATGAAA 7980
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7921 TCCAGACCTGAAGAATCACAATAAATTTTCTACCTGGTCTCCTTGTTCTGATAATGAAA 7980

Qy  7981 ATTATGATAAGGATGATAAAAGCACTTACTTCGTGTCCGACTCTTCTGAGCCACCTACTTA 8040
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7981 ATTATGATAAGGATGATAAAAGCACTTACTTCGTGTCCGACTCTTCTGAGCCACCTACTTA 8040

Qy  8041 CATGCATTACTGCATGCACTTCTTACACAATAATTCTATGAGATAGTACTATTATCCCCAT 8100
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8041 CATGCATTACTGCATGCACTTCTTACACAATAATTCTATGAGATAGTACTATTATCCCCAT 8100

Qy  8101 TTCTTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGTAGGCCGGGCACGGTGGCTCACGCCTGTAATCCC 8160
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8101 TTCTTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGTAGGCCGGGCACGGTGGCTCACGCCTGTAATCCC 8160

Qy  8161 AGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGTGGATCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCCTGGC 8220
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8161 AGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGTGGATCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCCTGGC 8220

Qy  8221 TAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAATTAGCCGGGCGTGGTGGCAG 8280
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8221 TAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAATTAGCCGGGCGTGGTGGCAG 8280

Qy  8281 ACGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGGAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCATGAACCCAGGAGG 8340
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8281 ACGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGGAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCATGAACCCAGGAGG 8340

Qy  8341 CAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTGCGCCCACTGCACTCCAGCCTGACAGACTGAGA 8400
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||
Db  8341 CAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTGCGCCCACTGCACTCCAGCCTGACAGAGTGAGA 8400

Qy  8401 CTCCATCTCAAAAAATAAAATAAAAATAAAAATGAAAAAAAAAAAGAAAGTGAAGTA 8460
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8401 CTCCATCTCAAAAAATAAAATAAAAATAAAAATGAAAAAAAAAAAGAAAGTGAAGTA 8460

Qy  8461 TAGAGTATCTCATAGTTTGTCAGTGACTAGAAAGCTATAAAATGAATACAGGAGACTGACCG 8520
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8461 TAGAGTATCTCATAGTTTGTCAGTGACTAGAAAGCTATAAAATGAATACAGGAGACTGACCG 8520

Qy  8521 TTTGATACATCTCAGACACCACTACTCTTGTGTCTCCATTGTGTTTAGATGCCTAGAATAAATAGAGAA 8580
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8521 TTTGATACATCTCAGACACCACTACTCTTGTGTCTCCATTGTGTTTAGATGCCTAGAATAAATAGAGAA 8580

Qy  8581 GGAAGGAGGATGGCTCTCTCTGTCTCTTGTCATTGTGTTCTCTGAGTGAGCTTGAATCACAT 8640
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8581 GGAAGGAGGATGGCTCTCTCTGTCTCTTGTCATTGTGTTCTCTGAGTGAGCTTGAATCACAT 8640

Qy  8641 GAAGGGGAACAGCAGAAACAACAACCAACTGATCCTCCTTGCTCTCGTGTCAGTGGCCCTGCTGGGC 8700
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8641 GAAGGGGAACAGCAGAAACAACAACCAACTGATCCTCCTTGCTCTCGTGTCAGTGGCCCTGCTGGGC 8700

Qy  8701 CCTGAAGGAAGTCCTGAAATGCGACTCCCCTGGTCCAGGAACTCTGAGTCAGTTTAAAAGTC 8760
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8701 CCTGAAGGAAGTCCTGAAATGCGACTCCCCTGGTCCAGGAACTCTGAGTCAGTTTAAAAGTC 8760

Qy  8761 TTTCTTTTGGACCCTACGGCAAGGAGTCTGTCCTCCCTCCTCGGAGTGGTAATTGGTGGGGACAGCTCTGGTATTTC 8820
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8761 TTTCTTTTGGACCCTACGGCAAGGAGTCTGTCCTCCCTCCTCGGAGTGGTAATTGGTGGGGACAGCTCTGGTATTTC 8820

Qy  8821 TTCACACACGGTGTCCTCCCTCCTCCTCGGAGTGGTAATGGTATAAATGGAAGCCACCAAGTG 8880
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8821 TTCACACACGGTGTCCTCCCTCCTCCTCGGAGTGGTAATGGTATAAATGGAAGCCACCAAGTG 8880

Qy  8881 CCTCAATGAAGTGGAGTCAAGCTCTCCATTTTGAGATGGTATAATGAAGCCACCAAGTG 8940
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8881 CCTCAATGAAGTGGAGTCAAGCTCTCCATTTTGAGATGGTATAATGAAGCCACCAAGTG 8940

Qy  8941 GCTTAGAGGATGCCCAGGTCCTTCCATGGAGCCACTCGGGGTTCCGGTGCACATTAAAAAA 9000
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8941 GCTTAGAGGATGCCCAGGTCCTTCCATGGAGCCACTCGGGGTTCCGGTGCACATTAAAAAA 9000

Qy  9001 AAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCTAGATTCTGGGAAATCAGTTCACCATGTTCA 9060
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9001 AAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCTAGATTCTGGGAAATCAGTTCACCATGTTCA 9060

Qy  9061 AAAGAGTCTTTTTTTTTTTTGAGACTCAGTTTGCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCATGAT 9120
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9061 AAAGAGTCTTTTTTTTTTTTGAGACTCAGTTTGCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCATGAT 9120

Qy  9121 CTCGGCTCACTGTAACCCTCGCCTCCCAGGTTCAAGCGATTCTCCTGTCTCAGCCTCCCA 9180
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9121 CTCGGCTCACTGTAACCCTCGCCTCCCAGGTTCAAGCGATTCTCCTGTCTCAGCCTCCCA 9180

Qy  9181 AGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCGTCGACCTCGGTAATTTTGTATTTTTAGTAGA 9240
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9181 AGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCGTCGACCTCGGTAATTTTGTATTTTTAGTAGA 9240

Qy  9241 GACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCCTGACCTCGTGATCCGCC 9300
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9241 GACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCCTGACCTCGTGATCCGCC 9300

Qy  9301 TGCCTCGGCCTCCCAAATGTTAATATATATCCAGATGGCATGTTTATGTTACTTATGCACTTG 9360
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9301 TGCCTCGGCCTCCCAAATGTTAATATATATCCAGATGGCATGTTTATGTTACTTATGCACTTG 9360

Qy  9361 AGAGTCTTAATATCCAGATGGCATGTTTATGTTACTTATGTTACTTATGCACTTG 9420
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9361 AGAGTCTTAATATCCAGATGGCATGTTTATGTTACTTATGTTACTTATGCACTTG 9420

Qy  9421 GCTGCATAAATGTGGTACAAGCATTCTGTCTGGAGGGCAGGTGCTTCAGGATACCATAT 9480
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9421 GCTGCATAAATGTGGTACAAGCATTCTGTCTGGAGGGCAGGTGCTTCAGGATACCATAT 9480

Qy  9481 ACAGCTCAGAAGTTTCTTCTTTAGGCATTAAATTTTAGCAAAGATATCTCATCTCTTCTT 9540
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9481 ACAGCTCAGAAGTTTCTTCTTTAGGCATTAAATTTTAGCAAAGATATCTCATCTCTTCTT 9540

Qy  9541 TTTAAACCATTTTCTTTTTTCTTTTTTGTGGTTAGAAAAGTAATGTATGCAGAAATGTGATTT 9600
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9541 TTTAAACCATTTTCTTTTTTCTTTTTTGTGGTTAGAAAAGTAATGTATGCAGAAATGTGATTT 9600

Qy  9601 ACGCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAATGAATACAATTAAAGCTGTTATTTAATTAGCCAG 9660
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9601 ACGCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAATGAATACAATTAAAGCTGTTATTTAATTAGCCAG 9660

Qy  9661 TGAAAAACTATTAACAACTGTCTATTAACCTGTTAGTATTATTGTGCATTAAAAATGCA 9720
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9661 TGAAAAACTATTAACAACTGTCTATTAACCTGTTAGTATTATTGTGCATTAAAAATGCA 9720

Qy  9721 TATACTTTAATAAGTGTATATACTTTAATCGCTTTGTCATTTGTGTACTGCATGATTTTATTGAAGTTCTTGTTC 9780
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9721 TATACTTTAATAAGTGTATATACTTTAATCGCTTTGTCATTTGTGTACTGCATGATTTTATTGAAGTTCTTGTTC 9780

Qy  9781 ATCTTGTGTATATACTTAATCGCTTTGTCATTTGTCATTTGGGACATTGAAGTTGCTTCTAATT 9840
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9781 ATCTTGTGTATATACTTAATCGCTTTGTCATTTGTCATTTGGGACATTGAAGTTGCTTCTAATT 9840

Qy  9841 CTTTACATTTGTCTTACGGAATATTTCATTCAACTGTGGTAGCCGAATTAATCGTGTT 9900
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9841 CTTTACATTTGTCTTACGGAATATTTCATTCAACTGTGGTAGCCGAATTAATCGTGTT 9900

Qy  9901 TCTTCACTCTAGGGACATGTCGTCCTCTAAGTGTAAGACATTGGTTATTTACCAGCAAAC 9960
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9901 TCTTCACTCTAGGGACATGTCGTCCTCTAAGTGTAAGACATTGGTTATTTACCAGCAAAC 9960

Qy  9961 CATTCTGAAAGCATATGACAAAATTATTTCTCTTAATATCTTACTATACTGAAAGCAGA 10020
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9961 CATTCTGAAAGCATATGACAAAATTATTTCTCTTAATATCTTACTATACTGAAAGCAGA 10020

Qy 10021 CTGCTATAAGGCTTCACTTACTCTTCACCTACCTCATAAGGAATAATGTTACAATTAATTTATT 10080
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 10021 CTGCTATAAGGCTTCACTTACTCTTCACCTACCTCATAAGGAATAATGTTACAATTAATTTATT 10080
```

```
Db 10021 CTGCTATAAGGCTTCACTTACTCTTCTACCTCATAAGGAATATGTTACAATTAATTTATT 10080

Qy 10081 AGGTAAGCATTTGTTTTATATTGGTTTTATTTCACCTGGCTGAGATTTCAAGAAACACC 10140
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 10081 AGGTAAGCATTTGTTTTATATTGGTTTTATTTCACCTGGCTGAGATTTCAAGAAACACC 10140

Qy 10141 CCAGTCTTCACAGTAACACATTTCACTAACACATTTACTAACATCAGCAACTGTGGCCT 10200
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 10141 CCAGTCTTCACAGTAACACATTTCACTAACACATTTACTAACATCAGCAACTGTGGCCT 10200

Qy 10201 GTTAATTTTTTAATAGAAATTTAAGTCTCCTCATTTTCGGTGTTTTTAAGCTTAA 10260
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 10201 GTTAATTTTTTAATAGAAATTTTAAGTCCTCATTTTCGGTGTTTTTAAGCTTAA 10260

Qy 10261 TTTTTCGGCTTTATTCATAAATTCTTAAGGTCAACTACATTTGAAAAATCAAAGACCTG 10320
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 10261 TTTTTCGGCTTTATTCATAAATTCTTAAGGTCAACTACATTTGAAAAATCAAAGACCTG 10320

Qy 10321 CATTTTAAATTCTTATTCACCTCTGCAAAACCATTCACAAACCATGGTAGTAAAGAGAA 10380
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 10321 CATTTTAAATTCTTATTCACCTCTGCAAAACCATTCACAAACCATGGTAGTAAAGAGAA 10380

Qy 10381 GGGTGACACCTGGTGGCCATAGGTAAATGTACCACGCGGTCCGGTGACCAGAGATGCAG 10440
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 10381 GGGTGACACCTGGTGGCCATAGGTAAATGTACCACGCGGTCCGGTGACCAGAGATGCAG 10440

Qy 10441 CGCTGAGGGTTTCCTGAAGGTAAAGAATAAAGGATAAAGAAGGGTGGAGGGCCTGCACTGGAA 10500
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 10441 CGCTGAGGGTTTCCTGAAGGTAAAGAATAAAGGATAAAGAAGGGTGGAGGGCCTGCACTGGAA 10500

Qy 10501 ATCACTTGTAGAGAAAAGCCCCTGAAAATTTGAGAAAACAAACAAGAAACTACTTACCAG 10560
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 10501 ATCACTTGTAGAGAAAAGCCCCTGAAAATTTGAGAAAACAAACAAGAAACTACTTACCAG 10560

Qy 10561 CTATTGAATTGCTGGAATCACAGGCCATTGCTGCTCGTGAGCTGCCTGAACTGGGAACAACAG 10620
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 10561 CTATTGAATTGCTGGAATCACAGGCCATTGCTGCTCGTGAGCTGCCTGAACTGGGAACAACAG 10620

Qy 10621 AAGGAAAACAAACAACCACTCTGATAATCATTGAGTCAAGTACAGCAGGTGATTGAGGACTGC 10680
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 10621 AAGGAAAACAAACAACCACTCTGATAATCATTGAGTCAAGTACAGCAGGTGATTGAGGACTGC 10680

Qy 10681 TGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTTATGTTGTATTATAATAATGTCATCTTTATATACTGT 10740
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 10681 TGAGAGGTACAGGCCCAAAATTCTTATGTTGTATTATAATAATGTCATCTTTATATACTGT 10740

Qy 10741 CAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTCACCACACATTTAAAAACAAAACACTGTCTC 10800
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 10741 CAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTCACCACACATTTAAAAACAAAACACTGTCTC 10800

Qy 10801 TAAAATCCCCAAATTTTTCATAAAC 10825
         |||||||||||||||||||||||||
Db 10801 TAAAATCCCCAAATTTTTCATAAAC 10825
```

```
;
;   OTHER INFORMATION:  /label= 24d2
;   FEATURE:
;   NAME/KEY:  allele
;   LOCATION:  replace(5834, "a")
;   OTHER INFORMATION:  /phenotype= "Hereditary Hemochromatosis"
;   OTHER INFORMATION:  /label= 24d1
;
US-08-834-497A-7

Query Match            100.0%;  Score 10823.4;  DB 4;  Length 10825;
Best Local Similarity  100.0%;  Pred. NO. 0;
Matches 10824;  Conservative   0;  Mismatches   0;  Indels   0;  Gaps   0;

Qy      1  TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTAAATGTATGATTGAATTTTGAAAATCATAAATATTTA  60
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1  TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTAAATGTATGATTGAATTTTGAAAATCATAAATATTTA  60

Qy     61  AATATCTAAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTTCCCCAATCAACACACCCCT  120
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     61  AATATCTAAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTTCCCCAATCAACACACCCCT  120

Qy    121  TCAGGATTTAAAAACCAAGGGGACACTGGATCACCTAGTGTTTCACAAGCAGGTACCTT  180
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    121  TCAGGATTTAAAAACCAAGGGGACACTGGATCACCTAGTGTTTCACAAGCAGGTACCTT  180

Qy    181  CTGCTGTAGGAGAGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTTGCTTTTCACCAGGAAGTT  240
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    181  CTGCTGTAGGAGAGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTTGCTTTTCACCAGGAAGTT  240

Qy    241  TTACTGGGCATCTCCTGAGCCTAGGCAATAGCTGTAGGGTGACTTCTCTGGAGCCATCCCG  300
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    241  TTACTGGGCATCTCCTGAGCCTAGGCAATAGCTGTAGGGTGACTTCTCTGGAGCCATCCCG  300

Qy    301  TTTCCCCGCCCCCAAAAGAAGCCGAGATTTAACGGACGTGCGGCCAGAGCTGGGGAA  360
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    301  TTTCCCCGCCCCCAAAAGAAGCCGAGATTTAACGGACGTGCGGCCAGAGCTGGGGAA  360

Qy    361  ATGGGCCCCGGCAGCCAGGCCGCGGCCTTCTCCTGATGCTTTTGCAGACCGCGGTCCTG  420
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    361  ATGGGCCCCGGCAGCCAGGCCGCGGCCTTCTCCTGATGCTTTTGCAGACCGCGGTCCTG  420

Qy    421  CAGGGGCGCTTGCGTGCGTGAGTCCGAGGGCTGCGGGCGAACTAGGGGCGCGGCGGGGTG  480
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    421  CAGGGGCGCTTGCGTGCGTGAGTCCGAGGGCTGCGGGCGAACTAGGGGCGCGGCGGGGTG  480

Qy    481  GAAAAATCGAAAACTAGCTTTCTTTGCGCCCCTCTCCCTACTTTGCTAACTTTGGACGACCTGC  540
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    481  GAAAAATCGAAAACTAGCTTTCTTTGCGCCCCTCTCCCTACTTTGCTAACTTTGGACGACCTGC  540

Qy    541  TCAACCCTATCCGCAAGCCCCTCTACTTCTGCGTCCAGGACCCCGTGAGGGAGTGC  600
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    541  TCAACCCTATCCGCAAGCCCCTCTACTTCTGCGTCCAGGACCCCGTGAGGGAGTGC  600

Qy    601  CTACCACTGAACTGCAGATAGGGGTCCCTCGCCCCGGACCTGCCCCCTCCCCCGGGCTGT  660
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    601  CTACCACTGAACTGCAGATAGGGGTCCCTCGCCCCGGACCTGCCCCCTCCCCCGGGCTGT  660

Qy    661  CCCGGCTCTGCGAGTGCGACTTTTGGAACCGCCCACTCCCCAACTAGAATGCTTTT  720
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    661  CCCGGCTCTGCGAGTGCGACTTTTGGAACCGCCCACTCCCCAACTAGAATGCTTTT  720

Qy    721  TAAATAAATCTCGTAGTTCGTAGTTCCTCACTTGAGCTGAGCTGAGCTACCTCG  780
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    721  TAAATAAATCTCGTAGTTCGTAGTTCCTCACTTGAGCTGAGCTGAGCTACCTGG  780

Qy    781  AACTCGGATTTATTTCCAATGTCAGCTGTGCAGTTTTTCCCCAGTCATCTCCAAACAGG  840
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    781  AACTCGGATTTATTTCCAATGTCAGCTGTGCAGTTTTTCCCCAGTCATCTCCAAACAGG  840

Qy    841  AAGTTCTTCCCTGAGTGCTTGCCGAGAAGGCTGAGCAAACCCAGCAGGATCCGCACGG  900
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    841  AAGTTCTTCCCTGAGTGCTTGCCGAGAAGGCTGAGCAAACCCAGCAGGATCCGCACGG  900

Qy    901  GGTTTCCACCTCGAGAGAGTCGTTGGGCGTGGGGCGGCGGCGAAAGAGTGGCGTTGGGGA  960
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    901  GGTTTCCACCTCGAGAGAGTCGTTGGGCGTGGGGCGGCGGCGAAAGAGTGGCGTTGGGGA  960

Qy    961  TCTGAATTCTTCACCATTCCACCACTTTGTGAGACCTGGGGTGGAGGCTCTAGGGT  1020
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    961  TCTGAATTCTTCACCATTCCACCACTTTGTGAGACCTGGGGTGGAGGCTCTAGGGT  1020

Qy   1021  GGGAGGCTCCTGAGAGAGGCCTACCTCGGGGCCTTCCCGCCACTCTTGGCCAATTGTCTTTT  1080
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1021  GGGAGGCTCCTGAGAGAGGCCTACCTCGGGGCCTTCCCGCCACTCTTGGCCAATTGTCTTTT  1080

Qy   1081  GCCTGGAAAATAAGTATATGTTAGTTTGAACGTTTGAACTGAACAATTCTCTTTCGG  1140
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1081  GCCTGGAAAATAAGTATATGTTAGTTTGAACGTTTGAACTGAACAATTCTCTTTCGG  1140

Qy   1141  CTAGGCTTTATTGCAATGTGCTGTGTAATTAGAGGCCTCTCTACAAAGTACTGA  1200
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1141  CTAGGCTTTATTGCAATGTGCTGTGTAATTAGAGGCCTCTCTACAAAGTACTGA  1200

Qy   1201  TAATGAACATGTAAGCAATGCACTCACTTCAAGTTACATTCATAATCTGATCTTATTTGA  1260
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1201  TAATGAACATGTAAGCAATGCACTCACTTCAAGTTACATTCATAATCTGATCTTATTTGA  1260

Qy   1261  TTTTCACTGAGGCATAGGGAGGTAGGAGCTAATAATAATACGTTTATTTTACTAGAAGTTAACT  1320
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1261  TTTTCACTGAGGCATAGGGAGGTAGGAGCTAATAATAATACGTTTATTTTACTAGAAGTTAACT  1320

Qy   1321  GGAATTCAGATTATATAACTCTTTTCAGTTCACAAAGAACATAAATAATCTCGTTTTCTG  1380
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1321  GGAATTCAGATTATATAACTCTTTTCAGTTCACAAAGAACATAAATAATCTCGTTTTCTG  1380

Qy   1381  ATGTTATTTCAAGTACTACAGCTGCTTCTAATCTTAGTTGACAGTGATTTTGCCCTGTAG  1440
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1381  ATGTTATTTCAAGTACTACAGCTGCTTCTAATCTTAGTTGACAGTGATTTTGCCCTGTAG  1440

Qy   1441  TGTAGCACAGTGTTCTGTGGGTCACAGCGGCCTCAGCACCCACTTTGAGTGTTTGGTA  1500
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1441  TGTAGCACAGTGTTCTGTGGGTCACAGCGGCCTCAGCACCCACTTTGAGTGTTTGGTA  1500

Qy   1501  CTACGTGTATCCACATTTACACATGACAAGAATGAGGCATGGCACGGCCTGCTTCCTGG  1560
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1501  CTACGTGTATCCACATTTACACATGACAAGAATGAGGCATGGCACGGCCTGCTTCCTGG  1560

Qy   1561  CAAATTTATTCAATGGTACACTGGGCTTTGGTGGCAGAGCTCATGTCTCCACTTCATAGC  1620
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1561  CAAATTTATTCAATGGTACACTGGGCTTTGGTGGCAGAGCTCATGTCTCCACTTCATAGC  1620

Qy   1621  TATGATTCTTAAACATCACACTGCATTAGAGGTTGAATAATAAAATTCATGTTGAGCAG  1680
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1621  TATGATTCTTAAACATCACACTGCATTAGAGGTTGAATAATAAAATTCATGTTGAGCAG  1680

Qy   1681  AAATATTCATTGTTACAAGTGTAAATGAGTCCCAGCCATGTGTTGCACTGTTCAAGCCC  1740
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1681  AAATATTCATTGTTACAAGTGTAAATGAGTCCCAGCCATGTGTTGCACTGTTCAAGCCC  1740

Qy   1741  CAAGGGAGAGAGCAGGGAAACAAGTCTTTACCCTTTGATTCTAGTGGGAGA  1800
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1741  CAAGGGAGAGAGCAGGGAAACAAGTCTTTACCCTTTGATTCTAGTGGGAGA  1800

Qy   1801  GATGACAATAAGCAAATGAGCAGAAAGATATACAACATCAGGAAATCATGGGGTGTTGTGA  1860
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1801  GATGACAATAAGCAAATGAGCAGAAAGATATACAACATCAGGAAATCATGGGGTGTTGTGA  1860

Qy   1861  GAAGCAGAGAAGTCAGGGCAAGTCACTCGGGCTGCACTTGAGACATGAAGGA  1920
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1861  GAAGCAGAGAAGTCAGGGCAAGTCACTCGGGCTGCACTTGAGACATGAAGGA  1920

Qy   1921  AATAAGAATGATATTGACTGGGGACAGTATTCCCAGGCAGTATTCCCAGGCAGCAAGTGGGGCCTGGCAAG  1980
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1921  AATAAGAATGATATTGACTGGGGACAGTATTCCCAGGCAGTATTCCCAGGCAGCAAGTGGGGCCTGGCAAG  1980
```

```
Qy 1981 TTGATTAAAAGCGGGTTTTCTCAGCACTACTCATGTGTGTGTGTGGGGGGGG 2040
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 1981 TTGATTAAAAGCGGGTTTTCTCAGCACTACTCATGTGTGTGTGTGGGGGGGG 2040

Qy 2041 CGGCGTGGGGGTGGGAAGGGGACTACCATCTGCATGTAGGATGTCTAGCAGTATCCTGT 2100
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 2041 CGGCGTGGGGGTGGGAAGGGGACTACCATCTGCATGTAGGATGTCTAGCAGTATCCTGT 2100

Qy 2101 CCTCCCTACTCACTAGGTGCTAGGAGCACTCCCCCAGTCTTGACAACCAAAAATGTCTCT 2160
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 2101 CCTCCCTACTCACTAGGTGCTAGGAGCACTCCCCCAGTCTTGACAACCAAAAATGTCTCT 2160

Qy 2161 AAACTTTGCCACGTCACCTAGTAGACAAACTCCTGGTTAAGAAGCTCGGGTGAAAAA 2220
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 2161 AAACTTTGCCACATGTCACCTAGTAGACAAACTCCTGGTTAAGAAGCTCGGGTGAAAAA 2220

Qy 2221 AATAAACAAGTAGTGCTGGGAGTAGAGGCCAAGAGTAGGTAAATGGGCTCAGAAGAGGA 2280
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 2221 AATAAACAAGTAGTGCTGGGAGTAGAGGCCAAGAGTAGGTAAATGGGCTCAGAAGAGGA 2280

Qy 2281 GCCACAAACAAGGTTGTGCAGGCGGCCCTGTAGGCTGTGTGTGTGAATTCTAGCCAAGGAGTA 2340
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 2281 GCCACAAACAAGGTTGTGCAGGCGGCCCTGTAGGCTGTGTGTGTGAATTCTAGCCAAGGAGTA 2340

Qy 2341 ACAGTGATCTGTCACAGGCTTTAAAGATTGCTCTGGCTGCTATGTGGAAACCAGAATG 2400
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 2341 ACAGTGATCTGTCACAGGCTTTAAAGATTGCTCTGGCTGCTATGTGGAAACCAGAATG 2400

Qy 2401 AAGGAGCAACAGTAAAAGCAGGAGGCCAGCCAGGAGCAGCTCCAGCAGTCCAGGCAAG 2460
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 2401 AAGGAGCAACAGTAAAAGCAGGAGGCCAGCCAGGAGCAGCTCCAGCAGTCCAGGCAAG 2460

Qy 2461 AGGTAGTCGAGTGGGCTGGGCTGGGCTGGAACAGAAAGGGAGTGACAAACCATTGTCTCCTGAA 2520
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 2461 AGGTAGTCGAGTGGGCTGGGCTGGGCTGGAACAGAAAGGGAGTGACAAACCATTGTCTCCTGAA 2520

Qy 2521 TATATTCTGAAGGAAGTTGCTGAAGGATTCTATGTGTGTGAGAGAAGAGAGAATGG 2580
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 2521 TATATTCTGAAGGAAGTTGCTGAAGGATTCTATGTGTGTGAGAGAAGAGAGAATGG 2580

Qy 2581 CTGGGTAGTAGCTCATGCCAAGGAGGAGGCCAACGAGCACAGATTCCTGACCTCAGGA 2640
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 2581 CTGGGTGTAGTAGCTCATGCCAAGGAGGAGGCCAACGAGCACAGATTCCTGAGCTCAGGA 2640

Qy 2641 GTTCAAGACCAGCCTGGGCAACACACAGCAAAACCCCTTCTCTACAAAAATACAAAAATTA 2700
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 2641 GTTCAAGACCAGCCTGGGCAACACACAGCAAAACCCCTTCTCTACAAAAATACAAAAATTA 2700

Qy 2701 GCTGGGTGGTGGTGGCATGCAACCTGTAGTCCCAGCTACTCGGGAGGCTGAGGTGGGAGGTA 2760
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 2701 GCTGGGTGGTGGTGGCATGCAACCTGTAGTCCCAGCTACTCGGGAGGCTGAGGTGGGAGGTA 2760

Qy 2761 TTGCTTGAGCCCAGGAGGTTGAGGTTGCAGTGAGCCATGATCGTGCCACTGCACTCCAGC 2820
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 2761 TTGCTTGAGCCCAGGAGGTTGAGGTTGCAGTGAGCCATGATCGTGCCACTGCACTCCAGC 2820

Qy 2821 CTAGGTGACAGAGCAAGACCCTGTCTCCCTGACCCCCTGAAAAAGAGAAGAGAGTTAAAGT 2880
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 2821 CTAGGTGACAGAGCAAGACCCTGTCTCCCTGACCCCCTGAAAAAGAGAAGAGAGTTAAAGT 2880

Qy 2881 TGACTTTGTCTCTTATTTATTTGGCCTGAGCAGTTGGGTAAATCAAGGATCTGCAATGCCAT 2940
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 2881 TGACTTTGTCTCTTTATTTATTTGGCCTGAGCAGTTGGGTAAATCAAGGATCTGCAATGCCAT 2940

Qy 2941 TTCTGAGATGGTGAAGGCAGAGGAAAGAGCAGTTTGGGTAAATCAAGGCCCACATAGGCCAGTT 3000
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 2941 TTCTGAGATGGTGAAGGCAGAGGAAAGAGCAGTTTGGGTAAATCAAGGCCCACATAGGCCAGTT 3000

Qy 3001 GGACAATGTTAAGTTTGAGATTCCAGTTCAGCGTCAGGCGTGAGGCCACATAGGCCAGTT 3060
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 3001 GGACAATGTTAAGTTTGAGATTCCAGTTCAGCGTCAGGCGTGAGGCCACATAGGCCAGTT 3060

Qy 3061 CAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGGCACGGTGGCTCACTTCTGTAATCCCAGCACT 3120
```

```
Db 3061 CAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGGCACGGTGGCTCACTTCTGTAATCCCAGCACT 3120
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Qy 3121 TTGGTGGCTGAGGCCAGTAGATCATTTGAGGTCAGGAGTTTGAGACCAAGCTTGGCCAACA 3180
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 3121 TTGGTGGCTGAGGCCAGTAGATCATTTGAGGTCAGGAGTTTGAGACCAAGCTTGGCCAACA 3180

Qy 3181 TGGTGAAACCCCATGTCTACTAAAAATACAAAAATTAGCCGTGGTGGTGCGCACGCCT 3240
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 3181 TGGTGAAACCCCATGTCTACTAAAAATACAAAAATTAGCCGTGGTGGTGCGCACGCCT 3240

Qy 3241 ATAGTCCCAGGTTTCCAGGTAGGAGGAATCCCTTGAACCCAGGAGGTGCAGG 3300
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 3241 ATAGTCCCAGGTTTCCAGGTAGGAGGAATCCCTTGAACCCAGGAGGTGCAGG 3300

Qy 3301 TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGATAGAGTGAGACTCTGT 3360
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 3301 TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGATAGAGTGAGACTCTGT 3360

Qy 3361 CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATTTGGG 3420
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 3361 CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATTTGGG 3420

Qy 3421 TCTAATTTGCCCTGAGCACCACCTGAGTTCAACTACCATGGCTAGACACACCTTAAC 3480
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 3421 TCTAATTTGCCCTGAGCACCACCTGAGTTCAACTACCATGGCTAGACACACCTTAAC 3480

Qy 3481 ATTTTCTAGAATCCACCAGCTTTAGTGGAGTCTGTCTAATCATGAGTATTGGAATAGGAT 3540
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 3481 ATTTTCTAGAATCCACCAGCTTTAGTGGAGTCTGTCTAATCATGAGTATTGGAATAGGAT 3540

Qy 3541 CTGGGGCAGTGAGGGGGTGGCACGTGGCAGCGAGAAAGCACACAAGGAAAGAGC 3600
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 3541 CTGGGGCAGTGAGGGGGTGGCACGTGGCAGCGAGAAAGCACACAAGGAAAGAGC 3600

Qy 3601 ACCCAGGACTGTCATATGGAAGAACAGGACTGCAACTCACCCTTCACAAAATGAGGA 3660
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 3601 ACCCAGGACTGTCATATGGAAGAACAGGACTGCAACTCACCCTTCACAAAATGAGGA 3660

Qy 3661 CCAGACACAGCGATGGTATGAGTTGATGCAGGTGTGTGGAGCCTCAACATCCTGCTCCC 3720
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 3661 CCAGACACAGCGATGGTATGAGTTGATGCAGGTGTGTGGAGCCTCAACATCCTGCTCCC 3720

Qy 3721 CTCCTACTACACATGGTTAAGGCCTGTTGCTCTCTGTCCCAGGTTCACACTCTCTGCACTA 3780
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 3721 CTCCTACTACACATGGTTAAGGCCTGTTGCTCTCTGTCCCAGGTTCACACTCTCTGCACTA 3780

Qy 3781 CCTCTTCATGGGTGCCCTCAGAGCAGGACCTTGGTGTTTCCTTGTTGAAGCTTTGGGCTTA 3840
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 3781 CCTCTTCATGGGTGCCCTCAGAGCAGGACCTTGGTGTTTCCTTGTTGAAGCTTTGGGCTA 3840

Qy 3841 CGTGGATGACCAGCTGTTCGTGTTAGAATTCAAGCCAGATGTGGCTGCAGTCTATTATGGAAATCACAACCACAG 3900
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 3841 CGTTGATGACCAGCTGTTCGTGTTAGAATTCAAGCCAGATGTGGCTGCAGTCTATTATGGAAATCACAACCACAG 3900

Qy 3901 TCCATGGTTTCCAGTAGAATTGCAATGGCAGTGGGTAATTCAGC 3960
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 3901 TCCATGGTTTCCAGTAGAATTGCAATGGCAGTGGGTAATTCAGC 3960

Qy 3961 AGGGTGGGATCACATGTCACTGTTGACTTCTGGACTATTATGGAAAATCACAACCACAG 4020
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 3961 AGGGTGGGATCACATGTCACTGTTGACTTCTGGACTATTATGGAAAATCACAACCACAG 4020

Qy 4021 CAAGGGTATGTGGAGGAAACAGCTGGAATCTGGAATCTGGAAGTCTGGGAGCCAGGAGGAGGGAAG 4080
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 4021 CAAGGGTATGTGGAGGAAACAGCTGGAATCTGGAATCTGGAAGTCTGGGAGCCAGGAGGAGGGAAG 4080

Qy 4081 ATGCATCTTGAAGGAAGACTGGAAGGCTGGAAGTCTGGGAGCGTGTGTGGGAGCCAGGAGGAGGGAAG 4140
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 4081 ATGCATCTTGAAGGAAGACTGGAAGGCTGGAAGTCTGGGAGCGTGTGTGGGAGCCAGGAGGAGGGAAG 4140

Qy 4141 GAATTGCTTCCTGAGATCATTGGTCCTGAGGATGGTGAAAATAGGGACCTATTCCTT 4200
```

```
Db  4141 GAATTGCTTCTTGAGATCATTTGGTCCTTGGGATGGTGGAAATAGGGACCTATTCCTT          4200
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  4201 TGGTTGCAGTTAACAAGGCTGGGGATTTTTCCAGAGTCCCACACCCTGCAGGTCATCCTG       4260
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4201 TGGTTGCAGTTAACAAGGCTGGGGATTTTTCCAGAGTCCCACACCCTGCAGGTCATCCTG       4260
Qy  4261 GGCTGTGAAATCAAGAAGACAACAGTACCGGAGGCTACTGGAAGTACGGGTATGGATGGG       4320
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4261 GGCTGTGAAATGCAAGAAGACAACAGTACCGGAGGCTACTGGAAGTACGGGTATGGATGGG      4320
Qy  4321 CAGGACCCACCTTGAATTCTGCCCTGACACACTTGGATTGGAGAGCAGCAGAACCCAGGGCC    4380
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4321 CAGGACCACCCTGAATTCTGCCCTGACACACTTGGATTGGAGAGCAGCAGAACCCAGGGCC     4380
Qy  4381 TGGCCCACCAAGCTGGAGTGGGAAAGCCACAAGATTCGGGCACCAGGCAGAACAGGGCCTAC   4440
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4381 TGGCCCACCAAGCTGGAGTGGGAAAGCCACAAGATTCGGGCACCAGGCAGAACAGGGCCTAC   4440
Qy  4441 CTGGAGAGGGACTGCCCTGCACAGCTGCTGAGCTGTGGAGAGGTGTTTG               4500
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4441 CTGGAGAGGGACTGCCCTGCACAGCTGCTGAGCTGTGGGGAGAGGTGTTTG             4500
Qy  4501 GACCAACAAGGTATGGTGGAAACACACTTCTGCCCCTATACTCTAGTGCAGAGTGGAGG      4560
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4501 GACCAACAAGGTATGGTGGAAACACACTTCTGCCCCTATACTCTAGTGCGAGAGTGGAGG     4560
Qy  4561 AGGTTGCAGGGCACGGAATCCCTGGTTGGAGTTTCAGAGGTGGCTGAGCGTGTGTGCCTC    4620
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4561 AGGTTGCAGGGCACGGAATCCCTGGTTGGGAGTTTCAGAGGTGGCTGAGCGTGTGTGCCTC   4620
Qy  4621 TCCAAATTCTGGGAAGGGACTTTCTCAATCCTAGAGTCTCTACCTTATAATTGCTCAAAGGGAA 4680
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4621 TCCAAATTCTGGGAAGGGACTTTCTCAATCCTAGAGTCTCTACCTTATAATTGCTCAAAGGGAA 4680
Qy  4681 TGAGACAGCCACAAGTCATGGGGTTTTATTTAATTTCTTTTCTCCATGCATATGATGCCTTAAGGGGAA 4740
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4681 TGAGACAGCCACAAGTCATGGGTTTTATTTAATTTCTTTTCTCCATGCATATGATGCCTTAAGGGGAA 4740
Qy  4741 GTGTCTATGGCCCTTGCTTTTATTTAACCAATAATCTTTTGTATAATTTGTATAATAATCTTTTGTATAATATACCTGTTAA 4800
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4741 GTGTCTATGGCCCTTGCTTTTATTTAACCAATAATCTTTTGTATAATATACCTGTTAA         4800
Qy  4801 AAATTCAGAAGTCAAGTCAAGGCCCGGCACGGTGGCTCACCCCTGTAATCCCAGCACTTTGGG    4860
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4801 AAATTCAGAAGTCAAGGCCCGGCACGGCCGGCACGGTGGCTCACCCCTGTAATCCCAGCACTTTGGG   4860
Qy  4861 AGGCCGAGGCGGGTGGTCACAAGGTCAGGAGTTGAGACCAGCCTGACCAACATGGTGAA     4920
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4861 AGGCCGAGGCGGGTGGTCACAAGGTCAGGAGTTTGAGACCAGCCTGACCAACATGGTGAA    4920
Qy  4921 ACCCGTCTCTAAAAAATACAAAAAATTAGCTGGTCACAGTGGTCACACGCGCACCTGTAGTCCCA  4980
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4921 ACCCGTCTCTAAAAAATACAAAAAATTAGCTGGTCACAGTGGTCACACGCGCACCTGTAGTCCCA  4980
Qy  4981 GCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGAGAATCGCTTGAACCTGGGAGGCGGAAGTTGCACTGA    5040
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4981 GCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGAGAATCCCTTGAACCTGGGAGGCGGAAGTTGCACTGA    5040
Qy  5041 GCCAAGATCGCGCCACTGCACTCCAGCCTGGGCAGAGAGTGAGACTCCATCTTAAAAAAAA    5100
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5041 GCCAAGATCGCGCCACTGCACTCCAGCCTGGGCAGAGAGTGAGACTCCATCTTAAAAAA     5100
Qy  5101 AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAATTCAGAGAATTCAGAGAGTCAGATCCAGGACAAA    5160
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5101 AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAATTCAGAGAATTCAGAGAGTCAGATCCAGGACAAA    5160
Qy  5161 ATATCAAGTGAGGCCACTTATCAGAAGAGAATCCTTTAGGTTAAAAGTTTCTTTCAT       5220
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5161 ATATCAAGTGAGGCCACTTATCAGAAGAGAATCCTTTAGGTTAAAAGTTTCTTTCAT       5220
Qy  5221 AGACATAGCAATAATCACTGAAGCTACCTATCTTACAAGTCCGCTTCTTATAACAATGC      5280
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5221 AGAACATAGCAATAATCACTGAAGCTACCTATCTTACAAGTCCGCTTCTTATAACAATGC     5280
```

```
Qy  5281 CTCCTAGGTTGACCCAGGTGAAACTGACCATCTGTATTCAATCATTTCAATGCACATAA     5340
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5281 CTCCTAGGTTGACCCAGGTGAAACTGACCATCTGTATTCAATCATTTCAATGCACATAA     5340
Qy  5341 AGGGCAATTTTATCTATCAGAACAAAGAACATGGGTAACAGATATGTATATTTCACATGTG    5400
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5341 AGGGCAATTTTATCTATCAGAACAAAGAACATGGGTAACAGATATGTATATTTACATGTG    5400
Qy  5401 AGGAGAACAAGCAGTCTGATCTGACTGCTCTCCAAGTGACACTGTGTTGAGTCCAATCTTAGG  5460
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5401 AGGAGAACAAGCAGTCTGATCTGACTGCTCTCCAAGTGACACTGTTAGAGTCCAATCTTAGG   5460
Qy  5461 ACACAAAAATGGTGTCTCTCCTGTAGCTGTGTTTTTCTGAAAAGGGTATTTCCTTCCTCC     5520
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5461 ACACAAAAATGGTGTCTCTCCTGTAGCTGTGTTTTTCTGAAAAGGGTATTTCCTTCCTCC     5520
Qy  5521 AACCTATAGAAGGAAGTGAAAGTTCCAGTCTTCCTGGCAAGGGTAAACAGATCCCCTCTC     5580
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5521 AACCTATAGAAGGAAGTGAAAGTTCCAGTCTTCCTGGCAAGGGTAAACAGATCCCCTCTC     5580
Qy  5581 CTCATCTCTCCTCTTCCTGTCAAGTGCCTCCTTTGGTGAAGGTGACACATCATGTGACC     5640
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5581 CTCATCTCTCCTCTTCCTGTCAAGTGCCTCCTTTGGTGAAGGTGACACATCATGTGACC     5640
Qy  5641 TCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTTCGGGGCCTTGAACTACTACCCCAGAACATCACCATG     5700
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5641 TCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGGGGCCTTGAACTACTACCCCAGAACATCACCATG     5700
Qy  5701 AAGTGGCTGAAGGATAAGCAGCCAATGGAGTCGAAGGAGTTCGAACCTAAAGACGTATTG    5760
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5701 AAGTGGCTGAAGGATAAGCAGCCAATGGAGTCGAAGGAGTTCGAACCTAAAGACGTATTG    5760
Qy  5761 CCCAATGGGGATGGGAGCTACCAGGGTGGAGCACCCAGGCTGATAACCTTATTTGGGTGTACCCCCTCATTGTGATCTGG  5820
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5761 CCCAATGGGGATGGGAGCTACCAGGGTGGAGCACCCAGGCTGATAACCTTGGCGTGTACCCCCTCATTGTGATCTGG      5820
Qy  5821 CAGAGATATACGTACCAGGTGGAGCACCCAGGCCTGATCAGCCCCTCATTGTGATCTGG      5880
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5821 CAGAGATATACGTACCAGGTGGAGCACCCAGGCCTGATCAGCCCCTCATTGTGATCTGG      5880
Qy  5881 GGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGACTTGAGAGAAATCTATTGGGGTTGAGAGGAGTGCC   5940
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5881 GGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGACTTGAGAGAAATCTATTGGGGTTGAGAGGAGTGCC   5940
Qy  5941 TGAGGAGGTAATTATGGCAGTGAGATGAGGAGGATCTGCTCTTTGTTAGGGGTGTGGGCTGAGG     6000
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5941 TGAGGAGGTAATTATGGCAGTGAGATGAGGAGGATCTGCTCTTTGTTAGGGGTGTGGGCTGAGG     6000
Qy  6001 GTGGCAATCAAAGGCTTTAACTTGCTTTTCTGTTTTCGTTTTTGTCGTCATCTTGGCACCGTCTGGCACCC   6060
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6001 GTGGCAATCAAAGGCTTTAACTTGCTTTTCTGTTTTCGTTTTTGTCGTCATCTTGGCACCGTCTGGCACCC   6060
Qy  6061 TAGTCATTGGAGTCATCAGTGGAATTGCGTGTTTTTGTCGTCATCTTGTCATTGGAATTT     6120
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6061 TAGTCATTGGAGTCATCAGTGGAATTGCGTGTTTTTGTCGTCATCTTGTCATTGGAATTT     6120
Qy  6121 TGTTCATAATATTAAGGAAGAGGCACAGGGTTCAAGTGAGTAGGAACAAGGGGGAAGTCTCT.   6180
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6121 TGTTCATAATATTAAGGAAGAGGCACAGGGTTCAAGTGAGTAGGAACAAGGGGGAAGTCTCT   6180
Qy  6181 TAGTACCTCTGCCCCAGGGACATCTTCAACAAACATCTTCAATTCAACAAACATCTTCAGAGCACCTCCATGGG  6240
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6181 TAGTACCTCTGCCCCAGGGACATCTTCAACAAACATCTTCAATTCAACAAACATCTTCAGAGCACCTCCATGGG  6240
Qy  6241 AAGCCATTTTCTCATTTATTATTCTTTGGGGGACACCAGCAGCTCCCTGGGACAGAGAAAAT    6300
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6241 AAGCCATTTTTCTCATTTTATTATTCTTTGGGGACACCAGCAGCTCCCTGGGACAGAGAAAAT   6300
Qy  6301 AATGGTTCTCCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCAACAAACATCTTCAAGAGCCACCTACTACT    6360
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6301 AATGGTTCTCCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCAACAAACATCTTCAAGAGCCACCTACTAT    6360
```

```
Qy  6361  TTTGCAAGAGCTGTTAAGTAGTAGTACAGGGGCTTTGAGGTTGAGAAGTCACTGGCTAT  6420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6361  TTTGCAAGAGCTGTTAAGTAGTAGTACAGGGGCTTTGAGGTTGAGAAGTCACTGGCTAT  6420

Qy  6421  TCTCAGAACCCAAATCTGGTACGGAATGAAATTGATAGCAAGTAAATGTAGTTAAAGAAG  6480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6421  TCTCAGAACCCAAATCTGGTACGGAATGAAATTGATAGCAAGTAAATGTAGTTAAAGAAG  6480

Qy  6481  ACCCCATGAGGTCCTAAAGCAGGCAGGAAGCAAATGCTTAGGGTGTCAAAGGAAAGAATG  6540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6481  ACCCCATGAGGTCCTAAAGCAGGCAGGAAGCAAATGCTTAGGGTGTCAAAGGAAAGAATG  6540

Qy  6541  ATCACAATTCAGCTGGGGATCAAGATAGCCTTCTGGATCTTGAAGGAGAAGCTGGATTCA  6600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6541  ATCACAATTCAGCTGGGGATCAAGATAGCCTTCTGGATCTTGAAGGAGAAGCTGGATTCCA  6600

Qy  6601  TTAGGTGAGGTTGAAGATGATGGGAGGTCTACACAGACGGAGCAACCATGCCAAGTAGGA  6660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6601  TTAGGTGAGGTTGAAGATGATGGGAGGTCTACACAGACGGAGCAACCATGCCAAGTAGGA  6660

Qy  6661  GAGTATAAGGCATACTGGGAGATTAGAAATAATTACTGTACCTTAACCCTGAGTTTGCGT  6720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6661  GAGTATAAGGCATACTGGGAGATTAGAAATAATTACTGTACCTTAACCCTGAGTTTGCGT  6720

Qy  6721  AGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCTACCCCCTGAACATCTGTGTGTAGGGAAAAGA  6780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6721  AGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCTACCCCCTGAACATCTGTGTGTAGGGAAAAGA  6780

Qy  6781  GAATCAGAAAGAAGCCAGCTCATACAGAGTCCAAGGTCTTTTGGGGATATTGGGTTATGA  6840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6781  GAATCAGAAAGAAGCCAGCTCATACAGAGTCCAAGGTCTTTTGGGGATATTGGGTTATGA  6840

Qy  6841  TCACTGGGGTGTCATTGAAGGATCCTAAGAAAGGAGGAGACCACGAGTCTCCCTTATGGTG  6900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6841  TCACTGGGGTGTCATTGAAGGATCCTAAGAAAGGAGGAGACCACGAGTCTCCCTTATGGTG  6900

Qy  6901  AATGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGAGGTGAGGAGCCAGTAGAAAGCCAATAAGCAT  6960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6901  AATGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGAGGTGAGGAGCCAGTAGAAAGCCAATAAGCAT  6960

Qy  6961  TTCCAGATGAGAGATAATGGTTCTTGAAATCCAATAGTGCCCAGGTCTAAATTGCCCCAT  7020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6961  TTCCAGATGAGAGATAATGGTTCTTGAAATCCAATAGTGCCCAGGTCTAAATTGCCCCAT  7020

Qy  7021  GTGAATGAGGAAAATAAGGAGAGAGAGAACAGAGGCAAGATGGTGCCTAGGTTGTGATGCCT  7080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7021  GTGAATGAGGAAAATAAGGAGAGAGAGAACAGAGGCAAGATGGTGCCTAGGTTGTGATGCCT  7080

Qy  7081  CTTTCCTGGGTCTTCTTGTCTCCACAGGAGGAGCCATGGGGCACTACGTCTTAGCTGAACG  7140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7081  CTTTCCTGGGTCTTCTTGTCTCCACAGGAGGAGCCATGGGGCACTACGTCTTAGCTGAACG  7140

Qy  7141  TGAGTGACGACGAGCCAGCCTGCAGACTCACTGTGGGAAGGAGACAAAACTAGAGACTCAAAGA  7200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7141  TGAGTGACACGGAGCCAGCCTGCAGACTCACTGTGGGAAGGAGACAAAACTAGAGACTCAAAGA  7200

Qy  7201  GGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCATGTTTCAGGAGAGAGTTGAACCTAAACATAGAAATT  7260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7201  GGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCATGTTTCAGGAGAGAGTTGAACCTAAACATAGAAATT  7260

Qy  7261  GCCTGACGAACTCCTTGATTTTAGCCTTCTCTGTTCATTCCTTCCTCAAAAAAGATTTCCCCAT  7320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7261  GCCTGACGAACTCCTTGATTTTAGCCTTCTCTGTTCATTCCTTCCTCAAAAAAGATTTCCCCAT  7320

Qy  7321  TTAGGTTTCTGAGTTCCTGCATGCCGGTGATCCCTAGCTGTGACCTCTCCCCTGGAACTG  7380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7321  TTAGGTTTCTGAGTTCCTGCATGCCGGTGATCCCTAGCTGTGACCTCTCCCCTGGAACTG  7380

Qy  7381  TCTCTCATGAACCTCAAGCTGCATCTGCAATCTGCAATCCTCAAGCTTCCTTCATTCCCTCCTCGTCACCTCAGAG  7440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7381  TCTCTCATGAACCTCAAGCTGCATCTGCAATCCTCAAGCTTCCTTCATTCCCTCCTCGTCACCTCAGAG  7440

Qy  7441  ACATACACCTATGTCATTTCATTTCCTATTTTGGAAGAGGACTCCTTAAATTTGGGGGA  7500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db  7441  ACATACACCTATGTCATTTCATTTCCTATTTTGGAAGAGGACTCCTTAAATTTGGGGGA  7500

Qy  7501  CTTACATCATTCATTTAACATCTGACGAAAAGCTTTGAACCCTGGGACGTGGCTAGTCAT  7560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7501  CTTACATCATTCATTTAACATCTGACGAAAAGCTTTGAACCCTGGGACGTGGCTAGTCAT  7560

Qy  7561  AACCTTACCCAGATTTTACACATGTATCTATGCATTTCTCGACCCGTTCAACTTTTCCT  7620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7561  AACCTTACCCAGATTTTACACATGTATCTATGCATTTCTCGACCCGTTCAACTTTTCCT  7620

Qy  7621  TTGAATCCTCTCTCTGTGTTACCCAGTAACTCATCTGTCACCAAGCCTTGGGGATTCTTC  7680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7621  TTGAATCCTCTCTCTGTGTTACCCAGTAACTCATCTGTCACCAAGCCTTGGGGATTCTTC  7680

Qy  7681  CATCTGATTGTGATGTGAGTTGCACAGCTGTACACTGCAAGATGGAAGAG  7740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7681  CATCTGATTGTGATGTGAGTTGCACAGCTGTACACTGCAAGATGGAAGAG  7740

Qy  7741  GCAACCTGTCCCAGAAAAGCATCATGGCTATCTGTGGTAGTATGATGGGTGTTTTTAGC  7800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7741  GCAACCTGTCCCAGAAAAGCATCATGGCTATCTGTGGTAGTATGATGGGTGTTTTTAGC  7800

Qy  7801  AGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGGTTGTGAAGAGGTGTTTTTTTCTAATTGGCATGA  7860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7801  AGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGGTTGTGAAGAGGTGTTTTTTTCTAATTGGCATGA  7860

Qy  7861  AGGTGTCATACAGATTTCCAAAGTTAATGGTGCCTTCATTTGGGATGCCTACTCTAGTAT  7920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7861  AGGTGTCATACAGATTTCCAAAGTTAATGGTGCCTTCATTTGGGATGCCTACTCTAGTAT  7920

Qy  7921  TCCAGACCTGAGAATCACAATAATTTTCTACCTGGTCTCTCCTGTTCTCTGATAATGAAA  7980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7921  TCCAGACCTGAGAATCACAATAATTTTCTACCTGGTCTCTCCTGTTCTCTGATAATGAAA  7980

Qy  7981  ATTATGATAAGGATGATGATAAAAGCACTTACTACTTCGTGTCCGACTCTTCTGAGCACCTACTTA  8040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7981  ATTATGATAAGGATGATGATAAAAGCACTTACTACTTCGTGTCCGACTCTTCTGAGCACCTACTTA  8040

Qy  8041  CATGCATTACTGCATGCACTTCTTACAATAATTCTATGAGATAGGTTACTATTATCCCCAT  8100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8041  CATGCATTACTGCATGCACTTCTTACAATAATTCTATGAGATAGGTTACTATTATCCCCAT  8100

Qy  8101  TTCTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGAAAGTGAAGTAGGCCGGGCACGTGGCTCACGCCTGTAATCCC  8160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8101  TTCTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGAAAGTGAAGTAGGCCGGGCACGTGGCTCACGCCTGTAATCCC  8160

Qy  8161  AGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGGTGGATCAGGGTCAGGAGATCGAGACCATCCTGGC  8220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8161  AGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGGTGGATCAGGGTCAGGAGATCGAGACCATCCTGGC  8220

Qy  8221  TAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGCAG  8280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8221  TAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGCGCAG  8280

Qy  8281  ACGGCCTGAGTCCCAGCTACTCCGGAAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCATGAACCCAGGAGG  8340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8281  ACGGCCTGAGTCCCAGCTACTCCGGAAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCATGAACCCAGGAGG  8340

Qy  8341  CAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTTGCGCCCACTGCACTCCAGCCTGACAGAGTGAGA  8400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8341  CAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTTGCGCCCACTGCACTCCAGCCTGACAGAGTGAGA  8400

Qy  8401  CTCCATCTCAAAAAATAAAAATAAAAATAAAAATGAAAAAAAAGAAGTA  8460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8401  CTCCATCTCAAAAAATAAAAATAAAAATAAAAATGAAAAAAAAGAAGTA  8460

Qy  8461  TAGAGTATCCATAGTTTGTCAGTGATAGAAACAGGTTCAAACTCAGTCAATCTGACCG  8520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8461  TAGAGTATCCATAGTTTGTCAGTGATAGAAACAGGTTCAAACTCAGTCAATCTGACCG  8520

Qy  8521  TTTGATACATCTCAGACACCACTACATTCAGTAGTTTAGATGCCTAGAATAAATAGAGAA  8580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db   8521  TTTGATACATCTCAGACACCACTACATTCAGTAGTTTAGAGTGCCTAGAATAAATAGAGAA  8580

Qy   8581  GGAAGGAGGATGGCTCTTCTTGTCTGTGTTCTTCTGAGTGAGCTTGAATCACACAT      8640
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8581  GGAAGGAGGATGGCTCTTCTTGTCTGTGTTCTTCTGAGTGAGCTTGAATCACAT        8640

Qy   8641  GAAGGGAACAGCAGAAAACAACCAACTGATCCTCAGCTGTCATGTTTCCTTTAAAAGTC    8700
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8641  GAAGGGAACAGCAGAAAACAACCAACTGATCCTCAGCTGTCATGTTTCCTTTAAAAGTC    8700

Qy   8701  CCTGAAGGAGGTCCTGGAATGTGACTCCCTTGCTCTCCTTGTCTCTTTGGCATTCA      8760
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8701  CCTGAAGGAGGTCCTGGAATGTGACTCCCTTGCTCTCCTTGTCTCTTTGGCATTCA      8760

Qy   8761  TTTCTTTGGACCCTACGCAAGGACTGTAATTGGTGGGGACAGCTAGTGCCCTGCTCGGGC  8820
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8761  TTTCTTTGGACCCTACGCAAGGACTGTAATTGGTGGGGACAGCTAGTGCCCTGCTCGGGC  8820

Qy   8821  TTCACACGGTGTCCTCCCCCAGTGCCTCTGGAGTCAGAACTCTGGTGTGTATTTC       8880
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8821  TTCACACGGTGTCCTCCCCCAGTGCCTCTGGAGTCAGAACTCTGGTGTGTATTTC       8880

Qy   8881  CCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCTCATTTGAGATGGTATAATGGAAGCCACCAAGTG   8940
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8881  CCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCTCATTTGAGATGGTATAATGGAAGCCACCAAGTG   8940

Qy   8941  GCTTAGAGGATGCCCAGGTCCTTCCATGGAGCCACTGGGGTTCCGTGCACATTAAAAA    9000
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8941  GCTTAGAGGATGCCCAGGTCCTTCCATGGAGCCACTGGGGTTCCGTGCACATTAAAAA    9000

Qy   9001  AAAATCTAACCAGGACAATGCTCAGGAATTGCTAGATTCTGGGAAATCAGTTCACCATGTTCA  9060
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9001  AAAATCTAACCAGGACAATGCTCAGGAATTGCTAGATTCTGGGAAATCAGTTCACCATGTTCA  9060

Qy   9061  AAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTTTTGAGACTCCATTGCCCAGGCCACTGCAATGGCATGAT  9120
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9061  AAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTTTTGAGACTCCATTGCCCAGGCCACTGCAATGGCATGAT  9120

Qy   9121  CTCGGCTCACTGCTAACCTCTGCCTCCCCAGGTTCAAGCGATTCTCCTGCCTCAGCCTCCCA  9180
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9121  CTCGGCTCACTGCTAACCTCTGCCTCCCCAGGTTCAAGCGATTCTCCTGCCTCAGCCTCCCA  9180

Qy   9181  AGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCATGCCCGGCTAATTTTGTATTTTTAGTAGA   9240
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9181  AGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCATGCCCGGCTAATTTTGTATTTTTAGTAGA   9240

Qy   9241  GACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCCTGACCTCGTGATCCGCC    9300
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9241  GACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCCTGACCTCGTGATCCGCC    9300

Qy   9301  TGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGCGTGAGCCACCGCCCAGCCTGCCCAAA  9360
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9301  TGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGCGTGAGCCACCGCCCAGCCTGCCCAAA  9360

Qy   9361  AGTGTCTTAATATATATCCAGATGGCATGTGTTTACTTTATGTTACTACATGCCACTTG   9420
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9361  AGTGTCTTAATATATATCCAGATGGCATGTGTTTACTTTATGTTACTACATGCCACTTG   9420

Qy   9421  GCTGCATAAATGGTGGTACAAGCATTCTGTCTTGAAGGCAGGCAGCTGCTTCAGGATACCATAT  9480
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9421  GCTGCATAAATGGTGGTACAAGCATTCTGTCTTGAAGGCAGGCAGCTGCTTCAGGATACCATAT  9480

Qy   9481  ACAGCTCAGAAGTTTCTTTTTTCTTTTTTGTTAGGCATTAAATTTTAGCAAAGATATCTCATCTCTT  9540
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9481  ACAGCTCAGAAGTTTCTTTTTTCTTTTTTGTTAGGCATTAAATTTTAGCAAAGATATCTCATCTCTT  9540

Qy   9541  TTAAACCATTTCTTTTTCTTTTTGTTGGTTAGAAAAAGTAATGTGATTT             9600
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9541  TTAAACCATTTCTTTTTCTTTTTGTTGGTTAGAAAAAGTATGTGATTT              9600

Qy   9601  ACGCTCATTGTGAGAAAAGCTATAAAATGAATACAATTAAAGCTGTTATTTAATTAGCCAG  9660
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9601  ACGCTCATTGTGAGAAAAGCTATAAAATGAATACAATTAAAGCTGTTATTTAATTAGCCAG  9660
```

```
Qy   9661  TGAAAACTATTAACAACTTGTCTATTACCTGTTAGTATTATTGTTGCATTAAAAATGCA    9720
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9661  TGAAAACTATTAACAACTTGTCTATTACCTGTTAGTATTATTGTTGCATTAAAAATGCA    9720

Qy   9721  TATACTTTAATAAATGTATATTGTATATTGTATACTGCATGATTTATTGAAGTTCTTGTC   9780
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9721  TATACTTTAATAAATGTATATTGTATATTGTATACTGCATGATTTATTGAAGTTCTTGTC   9780

Qy   9781  ATCTTGTGTATATACTTAATACCTTTGTCATTTTGGAGACATTTATTTTGCTTCTAATTT  9840
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9781  ATCTTGTGTATATACTTAATACCTTTGTCATTTTGGAGACATTTATTTTGCTTCTAATTT  9840

Qy   9841  CTTTACATTTGTCTTACGGAATATTTCATTCAACTGTGGTAGCCGAATTAATCGTGTT    9900
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9841  CTTTACATTTGTCTTACGGAATATTTCATTCAACTGTGGTAGCCGAATTAATCGTGTT    9900

Qy   9901  TCTTCACTCTAGGGACATTGTCGTCTAAGTTGTAAGACATTGGTATTTACCAGCAAAC    9960
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9901  TCTTCACTCTAGGGACATTGTCGTCTAAGTTGTAAGACATTGGTATTTACCAGCAAAC    9960

Qy   9961  CATTCTGAAAGCATATGACAAATTATTTCTCTCTTAATATCTTACTACTACTGAAAGCAGA  10020
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9961  CATTCTGAAAGCATATGACAAATTATTTCTCTCTTAATATCTTACTACTACTGAAAGCAGA  10020

Qy  10021  CTGCTATAAGGCTTCACTTCACTTCCATGGAGCCCACTGCACATTAAAATTAATTTATT  10080
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10021  CTGCTATAAGGCTTCACTTCACTTCCATGGAATATGTTACAATTAATTTATT          10080

Qy  10081  AGTAAGCATTGTTTTATATTGGTTTATTTGGTTTATTTCAAGAAACACC             10140
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10081  AGTAAGCATTGTTTTATATTGGTTTATTTGGTTTATTTCAAGAAACACC             10140

Qy  10141  CCAGTCTTCACAGTAACACATTCACTAACACATTACTAAACATCAGCAACTGTGGCCT    10200
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10141  CCAGTCTTCACAGTAACACATTCACTAACACATTACTAAACATCAGCAACTGTGGCCT    10200

Qy  10201  GTTAATTTTTTAATAGAAATTTTAAGTCCTCATTTCTTCTTCGGTGTGTTTTTAAGCTTAA  10260
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10201  GTTAATTTTTTAATAGAAATTTTAAGTCCTCATTTCTTCTTCGGTGTGTTTTTAAGCTTAA  10260

Qy  10261  TTTTCTGGCTTTATTCATAAATTCTTAAGGTCAACTACATTGAAAAATCAAAGACCTG    10320
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10261  TTTTTCTGGCTTTATTCATAAATTCTTAAGGTCAACTACATTGAAAAATCAAAGACCTG   10320

Qy  10321  CATTTTAAATTCTTATTCACCTCTGGCAAAACCATTCACAAACCATGGTAGTAGTAAGAGAA  10380
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10321  CATTTTAAATTCTTATTCACCTCTGGCAAAACCTCACAAACCATTCACAAACCATGGTAGTAAGAGAA  10380

Qy  10381  GGGTGACACCTGGTGCCATAGGTAAATGTACCACGGTGTCCGTGACCAGAGATGCAG     10440
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10381  GGGTGACACCTGGTGCCATAGGTAAATGTACCACGGTGTCCGTGACCAGAGATGCAG     10440

Qy  10441  CGCTGAGGGGTTTTCCTGAAGGTAAAGGAATAAAGAATGGGTGGAGGGGCGTGCACTGGAA  10500
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10441  CGCTGAGGGGTTTTCCTGAAGGTAAAGGAATAAAGAATGGGTGGAGGGGCGTGCACTGGAA  10500

Qy  10501  ATCACTTGTAGAGAAAAGCCCCTGAAAATTTGAGAAAACAAGAAAACTACTTACCAG     10560
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10501  ATCACTTGTAGAGAAAAGCCCCTGAAAATTTGAGAAAACAAGAAAACTACTTACCAG     10560

Qy  10561  CTATTTGAATTGCTGGAATCACTCTGATAATCTCATCTCTTCTT                  10620
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10561  CTATTTGAATTGCTGGAATCACTCTGATAATCTCATCTCTTCTT                  10620

Qy  10621  AAGGAAAACAAACCACTCTGATAAATCATTGAGTCAAGTAAATGTGATTT            10680
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10621  AAGGAAAACAAACCACTCTGATAAATCATTGAGTCAAGTAAATGTGATTT            10680

Qy  10681  TGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTTATGTGTATTATAATAATGTCATCTTATAATACTGT   10740
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10681  TGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTTATGTGTATTATAATAATGTCATCTTATAATACTGT   10740
```

```
Qy  10741 CAGTATATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTCACACACATTTAAAAAACAAAACACTGTCTC 10800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10741 CAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTCACACACATTTAAAAAACAAAACACTGTCTC 10800

Qy  10801 TAAAATCCCAAATTTTCATAAAC 10825
          ||||||||||||||||||||||
Db  10801 TAAAATCCCAAATTTTCATAAAC 10825
```

RESULT   8
US-09-503-444A-1
; Sequence 1, Application US/09503444A
; Patent No. 6228594
; GENERAL INFORMATION:
;   APPLICANT: Thomas, Winston J.
;   APPLICANT: Drayna, Dennis T.
;   APPLICANT: Feder, John N.
;   APPLICANT: Gnirke, Andreas
;   APPLICANT: Ruddy, David
;   APPLICANT: Tsuchihashi, Zenta
;   APPLICANT: Wolff, Roger K.
;   TITLE OF INVENTION: Hereditary Hemochromatosis Gene
;   NUMBER OF SEQUENCES: 44
;   CORRESPONDENCE ADDRESS:
;   ADDRESSEE: Pennie & Edmonds LLP
;   STREET: 1155 Avenue of the Americas
;   CITY: New York
;   STATE: New York
;   COUNTRY: USA
;   ZIP: 10036
;   COMPUTER READABLE FORM:
;   MEDIUM TYPE: Floppy disk
;   COMPUTER: IBM PC compatible
;   OPERATING SYSTEM: Windows 95
;   SOFTWARE: WordPerfect Version 8
;   CURRENT APPLICATION DATA:
;   APPLICATION NUMBER: US/09/503,444A
;   FILING DATE: 14-Feb-2000
;   CLASSIFICATION:
;   PRIOR APPLICATION DATA:
;   APPLICATION NUMBER: 08/652,265
;   FILING DATE: 23-May-1996
;   PRIOR APPLICATION DATA:
;   APPLICATION NUMBER: 08/632,673
;   FILING DATE: 16-Apr-1996
;   PRIOR APPLICATION DATA:
;   APPLICATION NUMBER: 08/630,912
;   FILING DATE: 04-Apr-1996
;   ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
;   NAME: Poissant, Brian M.
;   REGISTRATION NUMBER: 28,462
;   REFERENCE/DOCKET NUMBER: 8907-0088-999
;   TELECOMMUNICATION INFORMATION:
;   TELEPHONE: 212-790-9090
;   TELEFAX: 212-869-9741
;   TELEX: 66141
; INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1:
;   SEQUENCE CHARACTERISTICS:
;   LENGTH: 10825 base pairs
;   TYPE: nucleic acid
;   STRANDEDNESS: single
;   TOPOLOGY: linear
;   MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
;   FEATURE:
;   NAME/KEY: CDS
;   LOCATION: join(361..436, 3762..4025, 4235..4510, 5606..5881,
;   LOCATION: 6040..6153, 7107..7147)
;   OTHER INFORMATION: /product= "Hereditary Hemochromatosis
;   OTHER INFORMATION: /note= "No. 6228594mal or wild-type (unaffected)
;   OTHER INFORMATION: Hereditary Hemochromatosis (HH) gene
;   OTHER INFORMATION: allele"
;   FEATURE:

;   NAME/KEY: -
;   LOCATION: 140..7319
;   OTHER INFORMATION: /note= "start and stop positions for
;   OTHER INFORMATION: normal or wild-type (unaffected) allele
;   OTHER INFORMATION: cDNA (SEQ ID NO:9)"
;   FEATURE:
;   NAME/KEY: -
;   LOCATION: 3852..3891
;   OTHER INFORMATION: /note= "start and stop positions for
;   OTHER INFORMATION: normal or wild-type (unaffected) genomic
;   OTHER INFORMATION: sequence surrounding variant for 24d2(C)
;   OTHER INFORMATION: allele (SEQ ID NO:41)"
;   FEATURE:
;   NAME/KEY: -
;   LOCATION: 5507..6023
;   OTHER INFORMATION: /note= "start and stop positions for
;   OTHER INFORMATION: normal or wild-type (unaffected) genomic
;   OTHER INFORMATION: sequence surrounding variant for 24d1(G)
;   OTHER INFORMATION: allele (SEQ ID NO:20)"
;   FEATURE:
;   NAME/KEY: allele
;   LOCATION: replace(3872, "c")
;   OTHER INFORMATION: /phenotype= "normal or wild-type
;   OTHER INFORMATION: (unaffected)"
;   OTHER INFORMATION: /label= 24d2
;   FEATURE:
;   NAME/KEY: allele
;   LOCATION: replace(3878, "a")
;   OTHER INFORMATION: /phenotype= "normal or wild-type
;   OTHER INFORMATION: (unaffected)"
;   OTHER INFORMATION: /label= 24d7
;   FEATURE:
;   NAME/KEY: allele
;   LOCATION: replace(5834, "g")
;   OTHER INFORMATION: /phenotype= "normal or wild-type
;   OTHER INFORMATION: (unaffected)"
;   OTHER INFORMATION: /label= 24d1
;   FEATURE:
US-09-503-444A-1

Query Match   100.0%;   Score 10823.4;   DB 4;   Length 10825;
Best Local Similarity 100.0%;   Pred. NO. 0;
Matches 10824;   Conservative 0;   Mismatches 0;   Indels 0;   Gaps 0;

Qy   1 TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTAAATCTATGATTGAATTTTGAAAATCATAAATATTTA 60
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1 TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTAAATCTATGATTGAATTTTGAAAATCATAAATATTTA 60

Qy   61 AATATCTAAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTTCCCCAATCAACAACACCCCT 120
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   61 AATATCTAAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTTCCCCAATCAACAACACCCCT 120

Qy 121 TCAGGATTTAAAAACCAAGGGGACACTGGATCACCCAGTGTTCAAGCAGGTACCTT 180
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 121 TCAGGATTTAAAAACCAAGGGGACACTGGATCACCCAGTGTTCAAGCAGGTACCTT 180

Qy 181 CTGCTGTAGGAGGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTTGCTTTTCACCAGGAAGTT 240
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 181 CTGCTGTAGGAGGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTTGCTTTTCACCAGGAAGTT 240

Qy 241 TTACTGGGCATCCTCCTGAGCCTAGGCAATAGCTGTAGGGTGACTTCTGGAGCCATCCCCG 300
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 241 TTACTGGGCATCCTCCTGAGCCTAGGCAATAGCTGTAGGGTGACTTCTGGAGCCATCCCCG 300

Qy 301 TTTCCCCGCCCCCAAAAGAAGCGGAGATTAACGGGACGTGCGGCCAGAGCTGGGAA 360
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 301 TTTCCCCGCCCCCAAAAGAAGCGGAGATTAACGGGACGTGCGGCCAGAGCTGGGAA 360

Qy 361 ATGGGCCCGCGAGCCAGGCCAGGCCGGCGGCTTCTCCTCCGATGCTTTGCAGACCGGGTCCTG 420
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 361 ATGGGCCCGCGAGCCAGGCCAGGCCGGCGGCTTCTCCTCCGATGCTTTGCAGACCGGGTCCTG 420

Qy 421 CAGGGGCGCTTGCTTGCGTGAGTCCGAGGCTGCGGCGAACTAGGGCGCGGCGGGGGTG 480
```

```
Db   1501 CTACGTGTATCCACATTTACACATGACAAGAATGAGGCATGGCACGGCGCTGCTTCCTGG 1560

Db         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy   1561 CAAATTTATTCAATGGAGTACACTGGGCTTGGTGGCAGAGCTCATGTCTCCACTTCATAGC 1620
Db   1561 CAAATTTATTCAATGGAGTACACTGGGCTTGGTGGCAGAGCTCATGTCTCCACTTCATAGC 1620

Qy   1621 TATGATTCTTAAACATCACACTGCATTAGAGGTTGAATAATAAAATTCATGTTGAGCAG 1680
Db   1621 TATGATTCTTAAACATCACACTGCATTAGAGGTTGAATAATAAAATTCATGTTGAGCAG 1680

Qy   1681 AAATATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGTCCCAGCCATGTTGCACTGTTCAAGCCC 1740
Db   1681 AAATATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGTCCCAGCCATGTTGCACTGTTCAAGCCC 1740

Qy   1741 CAAGGGAGAGAGCAGCAGGGAAACAAGTCTTACCCTTGATATTTGCATTCTAGTGGGAGA 1800
Db   1741 CAAGGGAGAGAGCAGCAGGGAAACAAGTCTTACCCTTGATATTTGCATTCTAGTGGGAGA 1800

Qy   1801 GATGACAATAAGCAGCAGAAAGATATACAACATCAGCAAATCATGGGTGTTGTGA 1860
Db   1801 GATGACAATAAGCAGCAGAAAGATATACAACATCAGCAAATCATGGGTGTTGTGA 1860

Qy   1861 GAAGCAGAGAAGTCAGGCAAGTCACTCTGGGGCTGACACCTTGAGCAGAGACATGAAGGA 1920
Db   1861 GAAGCAGAGAAGTCAGGCAAGTCACTCTGGGGCTGACACTTGAGCAGAGACATGAAGGA 1920

Qy   1921 AATAAGAATGATATTGACTGGGACGCAGTATTTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCCTGGCAAG 1980
Db   1921 AATAAGAATGATATTGACTGGGACGCAGTATTTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCCTGGCAAG 1980

Qy   1981 TTGGATTAAAAAGCGGGTTTTCTCAGCACTACTCATGTGTGTGTGTGGGGGGG 2040
Db   1981 TTGGATTAAAAAGCGGGTTTTCTCAGCACTACTCATGTGTGTGTGTGGGGGGGG 2040

Qy   2041 CGGCGTGGGGGTGGGAAGGGGACTACCATCTGCATGTAGGATGTCTAGCAGTGTATCCTGT 2100
Db   2041 CGGCGTGGGGGTGGGAAGGGGACTACCATCTGCATGTAGGATGTCTAGCAGTGTATCCTGT 2100

Qy   2101 CCTCCCTACTCCACTAGGTGCTAGGAGCCACTCCCCCAGTCTTGACAACCAAAAATGTCTCT 2160
Db   2101 CCTCCCTACTCCACTAGGTGCTAGGAGCCACTCCCCCAGTCTTGACAACCAAAAATGTCTCT 2160

Qy   2161 AAACTTTGCCACATGTCACCTAGTAGAGACAAACTCCTGGTTAAGAAGCTCGGGTTGAAAAA 2220
Db   2161 AAACTTTGCCACATGTCACCTAGTAGAGACAAACTCCTGGTTAAGAAGCTCGGGTTGAAAAA 2220

Qy   2221 AATAAACAAGTAGTGCTGCTGGGGAGTAGAGGCCAAGAGTAATGGGCTCAGAAGAGGA 2280
Db   2221 AATAAACAAGTAGTGCTGCTGGGGAGTAGAGGCCAAGAGTAATGGGCTCAGAAGAGGA 2280

Qy   2281 GCCACAAACAAGGTTGTGCAGGCGCCTGTAGGCTGGCGTGGTGGTGTGAATTCTAGCCAAGGAGTA 2340
Db   2281 GCCACAAACAAGGTTGTGCAGGCGCCTGTAGGCTGGCGTGGTGGTGTGAATTCTAGCCAAGGAGTA 2340

Qy   2341 ACAGTGATCTGTCACAGCGTTTAAAAGATTGCTCTGGCGTATGTGCTATGTGCTATCTGT 2400
Db   2341 ACAGTGATCTGTCACAGCGTTTAAAAGATTGCTCTGGCGTATGTGCTATGTGCTATCTGT 2400

Qy   2401 AAGGGAGCAACAGTAAAAGCAGGAGCCCAGGAAGCTGTTACACAGTCCAGGCAAG 2460
Db   2401 AAGGGAGCAACAGTAAAAGCAGGAGCCCAGGAAGCTGTTACACAGTCCAGGCAAG 2460

Qy   2461 AGTAGTGGAGTGGGGCTGTGGGTGGGAGAAGGAGTGACAAACCATTGTCTCCTGAA 2520
Db   2461 AGTAGTGGAGTGGGGCTGTGGGTGGGAGAAGGAGTGACAAACCATTGTCTCCTGAA 2520

Qy   2521 TATATTCTGAAGGAAGTTGCTGAAGTGTCTGAAGGATTCTATGTTGTGTGAGAGAAGAATTGG 2580
Db   2521 TATATTCTGAAGGAAGTTGCTGAAGTGTCTGAAGGATTCTATGTTGTGTGAGAGAAGAATTGG 2580

Qy   2581 CTGGGTGTAGTAGCTCATGCCAAGGAGGCCAAGGAGAGCAGATTCCTGAGCTCAGGA 2640
Db   2581 CTGGGTGTAGTAGCTCATGCCAAGGAGGCCAAGGAGAGCAGATTCCTGAGCTCAGGA 2640
```

```
Db    421 CAGGGGCCTTGCTGCGTGAGTCCGAGGGCTGCGGCGGGCGGGGGGGTG 480

Db         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy    481 GAAAAATCGAAACTAGCTTCTTCGCTTGGGAGTTTGCTAACTTTGGAGGACCTGC 540
Db    481 GAAAAATCGAAACTGAAACTAGCTTCTTCGCTTGGGAGTTTGCTAACTTTGGAGGACCTGC 540

Qy    541 TCAACCCTATCCGCAAGCCCCTCTCCACTTCTGCGTCCAGACCCCGTGAGGGAGTGC 600
Db    541 TCAACCCTATCCGCAAGCCCCTCTCCACTTCTGCGTCCAGACCCCGTGAGGGAGTGC 600

Qy    601 CTACCACTGAACTGCAGATAGGGGTCCCTCGCCCCCGCCTGCGCCCCCTCCCCGGCTGT 660
Db    601 CTACCACTGAACTGCAGATAGGGGTCCCTCGCCCCCGCCTGCGCCCCCTCCCCGGCTGT 660

Qy    661 CCCGGCTCGCGGAGTGACTTTTGGAACCGCCCACTCCCTTCCCCCAACTAGAATGCTTT 720
Db    661 CCCGGCTCGCGGAGTGACTTTTGGAACCGCCCACTCCCTTCCCCCAACTAGAATGCTTT 720

Qy    721 TAAATAAATCTCGTAGTTCCTCACTTGGCGCTCGGGCTCCTTGAACCTGG 780
Db    721 TAAATAAATCTCGTAGTTCCTCACTTGGCGCTCGGGCTCCTTGAACCTGG 780

Qy    781 AACTTCGGGTTTATTTCCAATGTCAGCTGTGCAGTTTTTCCCAGTCATCTCCAAACAGG 840
Db    781 AACTTCGGGTTTATTTCCAATGTCAGCTGTGCAGTTTTTCCCAGTCATCTCCAAACAGG 840

Qy    841 AAGTTCTTCCCTGAGTGCTTGCCCAGAGAGGCTGAGCAAACCCACAGCAGGATCCGCACGG 900
Db    841 AAGTTCTTCCCTGAGTGCTTGCCCAGAGAGGCTGAGCAAACCCACAGCAGGATCCGCACGG 900

Qy    901 GGTTTCCACCTCAGAAACGAATGCGTTGGGCGGTGGGCGCGAAAGAGTGGCGTTGGGGA 960
Db    901 GGTTTCCACCTCAGAAACGAATGCGTTGGGCGGTGGGCGCGAAAGAGTGGCGTTGGGGA 960

Qy    961 TCTGAATTCTTCACCATTCCACCCACTTTGGTGAGACCTGGGGTGGAGGTCTCTAGGGT 1020
Db    961 TCTGAATTCTTCACCATTCCACCCACTTTGGTGAGACCTGGGGTGGAGGTCTCTAGGGT 1020

Qy   1021 GGGAGGCTCCTGAGAGAGGCCTACCTCGGGCCTCGGGCCCTTTCCCCACTCTTGGCCAATTGTTCTTT 1080
Db   1021 GGGAGGCTCCTGAGAGAGGCCTACCTCGGGCCTCGGGCCCTTTCCCCACTCTTGGCCAATTGTTCTTT 1080

Qy   1081 GCCTGGAAAATTAAGTAATGTTAGTTTGAACTGAACAATTCTCTTTTCGG 1140
Db   1081 GCCTGGAAAATTAAGTAATGTTAGTTTGAACTGAACAATTCTCTTTTCGG 1140

Qy   1141 CTAGGCTTTATTGATTTGCAATGTCGTGTAATTAAGAGGCCTCTACAAAGTACTGA 1200
Db   1141 CTAGGCTTTATTGATTTGCAATGTCGTGTAATTAAGAGGCCTCTACAAAGTACTGA 1200

Qy   1201 TAATGAACATGTAAGCAATGCACTCACTTCTAAGTTACATTCATATCTGATCTTATTGA 1260
Db   1201 TAATGAACATGTAAGCAATGCACTCACTTCTAAGTTACATTCATATCTGATCTTATTGA 1260

Qy   1261 TTTTCACTAGGCATAGGGAGGAGCTAATAATAACGTTTATTTTATTTTACTAGAAGTTAACT 1320
Db   1261 TTTTCACTAGGCATAGGGAGGAGCTAATAATAACGTTTATTTTATTTTACTAGAAGTTAACT 1320

Qy   1321 GGAATTCAGATTATATAAACTCTTTTCAGGTTACAAAGAACATAAATAATCTGGTTTTCTG 1380
Db   1321 GGAATTCAGATTATATAAACTCTTTTCAGGTTACAAAGAACATAAATAATCTGGTTTTCTG 1380

Qy   1381 ATGTTATTTCAAGTACACAGTCTTCTCAATCTTCTAAGTTCTTAGTTGACAGTGAGTCCCTGTAG 1440
Db   1381 ATGTTATTTCAAGTACACAGTCTTCTCAATCTTCTAAGTTCTTAGTTGACAGTGAGTCCCTGTAG 1440

Qy   1441 TGTAGCACAGTGTTCTGTGGGTCACACGCGCCTCAGCACAGCACTTTGAGTTTTGGTA 1500
Db   1441 TGTAGCACAGTGTTCTGTGGGTCACACGCGCCTCAGCACAGCACTTTGAGTTTTGGTA 1500

Qy   1501 CTACGTGTATCCACATTTACACATGACAAGAATGAGGCATGGCACGGCGCTGCTTCCTGG 1560
```

```
Qy  3721 CTCCTACTACACATGGTTAAGGCCTGTGCTGTCTGTCTCCAGTTCACACTTCCTGCACTA 3780
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3721 CTCCTACTACACATGGTTAAGGCCTGTGCTGTCTGTCTCCAGTTCACACTTCCTGCACTA 3780

Qy  3781 CCTCTTCATGGTGCCTCAGAGCAGGAGGACCTTGGCTCTTCCTTGTTGAAGCTTTGGGCTA 3840
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3781 CCTCTTCATGGTGCCTCAGAGCAGGAGGACCTTGGCTCTTCCTTGTTGAAGCTTTGGGCTA 3840

Qy  3841 CGTGGATGACCAGCTGTTCGTTCGTTCTATGATCATGAGAGTCGCCGTGTGGAGCCCGAAC 3900
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3841 CGTGGATGACCAGCTGTTCGTTCGTTCTATGATCATGAGAGTCGCCGTGTGGAGCCCGAAC 3900

Qy  3901 TCCATGGGTTCCAGTAGAATTCAAGCCAGAGTGGCTGCAGTGTCGAGTGCAGAGTCTGAA 3960
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3901 TCCATGGGTTCCAGTAGAATTCAAGCCAGAGTGGCTGCAGTGTCGAGTGCAGAGTCTGAA 3960

Qy  3961 AGGGTGGGATCACATGTTCACTGTTGACTTCTGGACTATTATGGAAAATCACAACCACAG 4020
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3961 AGGGTGGGATCACATGTTCACTGTTGACTTCTGGACTATTATGGAAAATCACAACCACAG 4020

Qy  4021 CAAGGGTATGTGGAGAGGGGCCTTCCTGAGTTGTCAGAGCTTTTCATCTTTTC 4080
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4021 CAAGGGTATGTGGAGAGGGGCCTTCCTGAGTTGTCAGAGCTTTTCATCTTTTC 4080

Qy  4081 ATGCATCTTGAAGGAAACAGCTGGAAGTCTGGAAGTCTTGTGGAGCAGGAGGGAAG 4140
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4081 ATGCATCTTGAAGGAAACAGCTGGAAGTCTGGAAGTCTTGTGGAGCAGGAGGGAAG 4140

Qy  4141 GAATTTCCTTCCTCGAGATCATTGGTCCTTGGGGATGGTGAAATAGGGACCTATTCCTT 4200
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4141 GAATTTGCTTCCTGAGATCATTGGTCCTTGGGGATGGTGAAATAGGGACCTATTCCTT 4200

Qy  4201 TGGTTGCAGTTAACAAGGCTGGGGATTTTCCAGAGCTTGTCAGGTCATCCTG 4260
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4201 TGGTTGCAGTTAACAAGGCTGGGGATTTTCCAGAGCTTGTCAGGTCATCCTG 4260

Qy  4261 GGCTGTGAAATGCAAGAAGACAACAGTACCGAGGGCTACTGGGTATGGGTACGGGTATGGGG 4320
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4261 GGCTGTGAAATGCAAGAAGACAACAGTACCGAGGGCTACTGGGTATGGGTACGGGTATGGGG 4320

Qy  4321 CAGGACCACCTTGAATTCGAATTCTGCCCTGACACTGGATTGGAGAGCAGCAGCCAGGGCC 4380
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4321 CAGGACCACCTTGAATTCGAATTCTGCCCTGACACTGGATTGGAGAGCAGCAGCCAGGGCC 4380

Qy  4381 TGGCCCACCAAGCTGGAGTGGGAAAGGCACAAGAATTCGGGCACGAGATTCGGGCAGGGCCTAC 4440
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4381 TGGCCCACCAAGCTGGAGTGGGAAAGGCACAAGAATTCGGGCACGAGATTCGGGCAGGGCCTAC 4440

Qy  4441 CTGGAGAGGGACTGCCCTGCCAGAGTGCTGAGCTGCAGAGTGGGAGAGGTGTTTTG 4500
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4441 CTGGAGAGGGACTGCCCTGCCAGAGTGCTGAGCTGCAGAGTGGGAGAGGTGTTTTG 4500

Qy  4501 GACCAACAAGGTATGGTGGAAACACACTTCTTCGCCCCTATACTCTAGTGGCAGAGTGGAGG 4560
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4501 GACCAACAAGGTATGGTGGAAACACACTTCTTCGCCCCTATACTCTAGTGGCAGAGTGGAGG 4560

Qy  4561 AGGTTGCAGGGCACGGAATCCCTGGTTGGAGTTTCAGAGGCTGGCTCGAGCGTGTGTGCCCTC 4620
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4561 AGGTTGCAGGGCACGGAATCCCTGGTTGGAGTTTCAGAGGCTGGCTCGAGCGTGTGTGCCCTC 4620

Qy  4621 TCCAAATTCTGGGAAGGGACTTTCTCAATCCTATAATCTTTGTATATTTATACCTGTTAA 4680
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4621 TCCAAATTCTGGGAAGGGACTTTCTCAATCCTATAATCTTTGTATATTTATACCTGTTAA 4680

Qy  4681 TGAGACAGCCACAAGTCATGGGTTTAATTCTTTCTTTCCATGCATATGGCTCAAAGGGAA 4740
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4681 TGAGACAGCCACAAGTCATGGGTTTAATTCTTTCTTTCCATGCATATGGCTCAAAGGGAA 4740

Qy  4741 GTGTCTATGGCCCTTGCTTTTATTTAACCAATAAATCTTTTGTATATTTATACCTGTTAA 4800
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4741 GTGTCTATGGCCCTTGCTTTTATTTAACCAATAAATCTTTTGTATATTTATACCTGTTAA 4800

Qy  4801 AAATTCAGAAATGTCAAGGCCGGGGCACGGTGGCTCACCCCTGTAATCCCAGCACTTTGGG 4860
```

```
Qy  2641 GTTCAAGACCAGCCTGGGCAACACAGCAAAACCCTTCTCTACAAAAAATACAAAAAATTA 2700
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2641 GTTCAAGACCAGCCTGGGCAACACAGCAAAACCCTTCTCTACAAAAAATACAAAAAATTA 2700

Qy  2701 GCTGGGTGTGGTGGCATGCACCTGTAGTCCCAGCTACTCGGGAGGCTGAGGTGGAGGGTA 2760
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2701 GCTGGGTGTGGTGGCATGCACCTGTAGTCCCAGCTACTCGGGAGGCTGAGGTGGAGGGTA 2760

Qy  2761 TTGCTTGAGCCCAGGAAGTTGAGGCTGCAGTGAGCCATGACTGTGCCACTGTACTTCAGC 2820
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2761 TTGCTTGAGCCCAGGAAGTTGAGGCTGCAGTGAGCCATGACTGTGCCACTGTACTTCAGC 2820

Qy  2821 CTAGGTGACAGAGCAAGAGACCCTGTCTCCCCTGACCCCTGAAAAAGAAGAGTTAAAGT 2880
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2821 CTAGGTGACAGAGCAAGAGACCCTGTCTCCCCTGACCCCTGAAAAAGAAGAGTTAAAGT 2880

Qy  2881 TGACTTTGTCTTTATTTAATTTATTGGCCTGAGCAGTGGGTAATTGGCAATGCCAT 2940
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2881 TGACTTTGTCTTTATTTAATTTATTGGCCTGAGCAGTGGGTAATTGGCAATGCCAT 2940

Qy  2941 TTCTGAGATGGTGAAGCAGAGGAAAGAGCAGTTTGGGGTAAATCAAGGATCTGCATTTG 3000
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2941 TTCTGAGATGGTGAAGCAGAGGAAAGAGCAGTTTGGGGTAAATCAAGGATCTGCATTTG 3000

Qy  3001 GGACATGTTAAGTTTGAGATTCCAGTGGTCAGGCTTCCAAGTGGTGAGGCCACATAGGCAGTTT 3060
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3001 GGACATGTTAAGTTTGAGATTCCAGTGGTCAGGCTTCCAAGTGGTGAGGCCACATAGGCAGTTT 3060

Qy  3061 CAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGGCACGGTGGCTCACTTGTGTAATCCCAGCACT 3120
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3061 CAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGGCACGGTGGCTCACTTGTGTAATCCCAGCACT 3120

Qy  3121 TTGGTGGCTAGGCAGCAGTAGATCATTTGAGGTCAGGAGTTTGAGACAAGCTTGGCCAACA 3180
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3121 TTGGTGGCTAGGCAGCAGTAGATCATTTGAGGTCAGGAGTTTGAGACAAGCTTGGCCAACA 3180

Qy  3181 TGGTGAAACCCCATGTCTACTACTAAAAATACAAAAATTAGCCTGGGGTGGTGGCGCGCCT 3240
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3181 TGGTGAAACCCCATGTCTACTACTAAAAATACAAAAATTAGCCTGGGGTGGTGGCGCGCCT 3240

Qy  3241 ATAGTCCCAGTTTCAGGAGGCTGAGGCAGGAATCCCTGAACCCAGGAGGTGCAGG 3300
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3241 ATAGTCCCAGTTTCAGGAGGCTGAGGCAGGAATCCCTGAACCCAGGAGGTGCAGG 3300

Qy  3301 TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGATAGAGTGAGACTCTGT 3360
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3301 TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGATAGAGTGAGACTCTGT 3360

Qy  3361 CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATTTGGG 3420
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3361 CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATTTGGG 3420

Qy  3421 TCTAATTTGCCCTGAGCACCTGAGTTCAACTACCATGGCTAGACACACCCTTAAC 3480
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3421 TCTAATTTGCCCTGAGCACCTGAGTTCAACTACCATGGCTAGACACACCCTTAAC 3480

Qy  3481 ATTTTCTAGAATCCACCAGCTTTAGTGGAGTCTGTCTAATCATGAGTATTGGAATAGGAT 3540
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3481 ATTTTCTAGAATCCACCAGCTTTAGTGGAGTCTGTCTAATCATGAGTATTGGAATAGGAT 3540

Qy  3541 CTGGGGCAGTGAGGGGGTGGCAGCCAGGCCACGTGGCAGAGAAAAGCCACAAGGAAAGAGC 3600
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3541 CTGGGGCAGTGAGGGGGTGGCAGCCAGGCCACGTGGCAGAGAAAAGCCACAAGGAAAGAGC 3600

Qy  3601 ACCCAGGACTGTCATATGGGAGAAAGACAGGACTGCAACTCACCCTTCACAAAATGAGGA 3660
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3601 ACCCAGGACTGTCATATGGGAGAAAGACAGGACTGCAACTCACCCTTCACAAAATGAGGA 3660

Qy  3661 CCAGACCAGCTGATGTGTATGGTCAGGTGTCAGTTGATGTCAGGTGCCTTCAAACATCCTGCTCCC 3720
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3661 CCAGACCACAGCTGATGGTGATGGTCAGGTGTGATGGTCAGGTGTCAACATCCTGCTCCC 3720
```

us-09-497-957-3.rni

Mon Jul 9 10:09:31 2001

```
Db  4801 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||  4860
         AAATTCAGAAATGTCAAGGCCGGGCACGGTGGCTCACGCCTGTAATCCCAGCACTTGGG

Qy  4861 AGGCCGAGGCGGGTGGTCACAAGGTCAGGAGTTTGAGACCAGCCTGACCAACATGGTGAA  4920
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4861 AGGCCGAGGCGGGTGGTCACAAGGTCAGGAGTTTGAGACCAGCCTGACCAACATGGTGAA  4920

Qy  4921 ACCCGTCTCTAAAAAATACAAAAAATTAGCTGGTCACAGTCATGCGCACCTGTAGTCCCA  4980
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4921 ACCCGTCTCTAAAAAATACAAAAAATTAGCTGGTCACAGTCATGCGCACCTGTAGTCCCA  4980

Qy  4981 GCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGAGCATCGCTTGAACCTGGGAGGCGGAAGTTGCACTGA  5040
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4981 GCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGAGCATCGCTTGAACCTGGGAGGCGGAAGTTGCACTGA  5040

Qy  5041 GCCAAGATCGCGCCACTGCACTCCAGCCTGGGCGACAGAGCGAGACTCCATCTTAAAAAA  5100
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5041 GCCAAGATCGCGCCACTGCACTCCAGCCTGGGCGACAGAGCGAGACTCCATCTTAAAAAA  5100

Qy  5101 AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAGAATTCAGAGATCTCAGCTATCATATGAATACCAGAC  5160
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5101 AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAGAATTCAGAGATCTCAGCTATCATATGAATACCAGAC  5160

Qy  5161 ATATCAAGTGAGGCCACTTATCAGAGTAGAAGAATCCTTAGGTTAAAGTTTCTTTCAT  5220
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5161 ATATCAAGTGAGGCCACTTATCAGAGTAGAAGAATCCTTAGGTTAAAGTTTCTTTCAT  5220

Qy  5221 AGAACATAGCAATAATCACTGAAGCTACCTACATCTTACAGTCCGCTTCTTATAACAATGC  5280
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5221 AGAACATAGCAATAATCACTGAAGCTACCTACATCTTACAGTCCGCTTCTTATAACAATGC  5280

Qy  5281 CTCCTAGGTGACCCAGGTGAAACTGATTCAATTCAATGCACATAA  5340
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5281 CTCCTAGGTGACCCAGGTGAAACTGATTCAATTCAATGCACATAA  5340

Qy  5341 AGGGCAATTTATCTCATCAGAACAACAAAGAACATGGTAACACATGTATATTTACAGTGTG  5400
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5341 AGGGCAATTTATCTCATCAGAACAACAAAGAACATGGTAACACATGTATATTTACAGTGTG  5400

Qy  5401 AGAGAACAAGCTGATCTCTCCAAGTGACACTGTGTTAGAGTCCAATCTTAGG  5460
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5401 AGAGAACAAGCTGATCTCTCCAAGTGACACTGTGTTAGAGTCCAATCTTAGG  5460

Qy  5461 ACACAAAATGGTGTCTCCTCTTGTTTTCTGAAAAGGGTATTCCCTCC  5520
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5461 ACACAAAATGGTGTCTCCTCTTGTTTTCTGAAAAGGGTATTCCCTCC  5520

Qy  5521 AACCTATAGAGGAAGTGAAAGTTCCAGTCTTCAGTGTCTGGCAAGGGTAAACAGATCCCCTCTC  5580
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5521 AACCTATAGAGGAAGTGAAAGTTCCAGTCTTCAGTGTCTGGCAAGGGTAAACAGATCCCCTCTC  5580

Qy  5581 CTCATCCTTCCTCTTCCTGTCAAGTGCCTCTTTGGTGAAGGTGACACATCATGTGACC  5640
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5581 CTCATCCTTCCTCTTCCTGTCAAGTGCCTCTTTGGTGAAGGTGACACATCATGTGACC  5640

Qy  5641 TCTTCAGTGACCACTCACGGTGTCGGGCCTTGAACTACTACCCCCAGAACATCACCATG  5700
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5641 TCTTCAGTGACCACTCACGGTGTCGGGCCTTGAACTACTACCCCCAGAACATCACCATG  5700

Qy  5701 AAGTGGCTGAAGGATAAGCACCAGGCTACCAGGCTGGGACCTACCAGGATTG  5760
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5701 AAGTGGCTGAAGGATAAGCACCAGGCTACCAGGCTGGGACCTACCAGGATTG  5760

Qy  5761 CCCAATGGGATACGCTACCAGGTGGAGCACCAGGCCTGGAGCACCAGGCCCTGGGGAAGCTGG  5820
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5761 CCCAATGGGATACGCTACCAGGTGGAGCACCAGGCCTGGAGCACCAGGCCCTGGGGAAGCTGG  5820

Qy  5821 CAGAGATACGGCTGAAGAGCAGCCAGGCTGGGGTGGAGCACCCAGGCCTGGATCAGCCCCTCATTGTGATCTGG  5880
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5821 CAGAGATACGGCTGAAGAGCAGCCAGGCTGGGGTGGAGCACCCAGGCCTGGATCAGCCCCTCATTGTGATCTGG  5880

Qy  5881 GGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGTGAGAAATCTATTGGGGTTGAGAGGAGTGCC  5940
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5881 GGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGTGAGAAATCTATTGGGGTTGAGAGGAGTGCC  5940
```

```
Db  5881 GGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGCTGAGAAATCTATTGGGGTTGAGAGGAGTGCC  5940

Qy  5941 TGAGGAGGTAATTATGGCAGTGAGATGAGGATCTGCTCTTGTTCTTTGTTGAGGGGTGGGCTGAGG  6000
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||
Db  5941 TGAGGAGGTAATTATGGCAGTGAGATGAGGATCTGCTCTTGTTCTTTGTTGAGGGGTGGGCTGAGG  6000

Qy  6001 GTGGCAATCAAAGGCTTAACTTGCTTTCTGTTTCGTTTTCTCTTTTAGAGCCCTCACCGTCTGGCACCC  6060
         ||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6001 GTGGCAATCAAAGGCTTAACTTGCTTTCTGTTTCGTTTTTCTCTTTTAGAGCCCTCACCGTCTGGCACCC  6060

Qy  6061 TAGTCATTGGAGTCATCAGTGAATTGCTGTGTTTGTCGTCATCTTGTTCATTGGAATTT  6120
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6061 TAGTCATTGGAGTCATCAGTGAATTGCTGTGTTTGTCGTCATCTTGTTCATTGGAATTT  6120

Qy  6121 TGTTCATATATATTAAGGAAGAGAGGAGGGTTCAAGTGAGTGAGGAACAAGGGGAAGTCTCT  6180
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6121 TGTTCATATATATTAAGGAAGAGAGGAGGGTTCAAGTGAGTGAGGAACAAGGGGAAGTCTCT  6180

Qy  6181 TAGTACCTCTGCCCCAGGGCACAGTGGGAAGAGGGGCAGAGGGGATCTGGCATCCCATGGG  6240
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6181 TAGTACCTCTGCCCCAGGGCACAGTGGGAAGAGGGGCAGAGGGGATCTGGCATCCCATGGG  6240

Qy  6241 AAGCATTTTCTCATTTATTATTCTTGGGGACACCAGCAGTCCCTGGGAGACAGAAAAT  6300
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6241 AAGCATTTTCTCATTTATTATTCTTGGGGACACCAGCAGTCCCTGGGAGACAGAAAAT  6300

Qy  6301 AATGGTTCTCCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCAACAAACATCTTCAGCAGCACCTACTAT  6360
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6301 AATGGTTCTCCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCAACAAACATCTTCAGCAGCACCTACTAT  6360

Qy  6361 TTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTAGTACAGGGCTTTGAGGTTGAGAGGTCACTGGCTAT  6420
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6361 TTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTAGTACAGGGCTTTGAGGTTGAGAGGTCACTGGCTAT  6420

Qy  6421 TCTCAGAACCCAAATCTGGTAGGGAATGAAAATGAAAATTGATAGCAAGTAGTTAAAGAAG  6480
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6421 TCTCAGAACCCAAATCTGGTAGGGAATGAAAATGAAAATTGATAGCAAGTAGTTAAAGAAG  6480

Qy  6481 ACCCCATGAGTCCTAAAGCCAGGCAGCAGAAGAGCAAATGCTTAGGGTGTCAAAGGAAGAATG  6540
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6481 ACCCCATGAGTCCTAAAGCCAGGCAGCAGAAGAGCAAATGCTTAGGGTGTCAAAGGAAGAATG  6540

Qy  6541 ATCACATTCAGCTGGGATCAAGATAGCCTTCTGGATCTTGAAGGAGAAGCTGGATTCCA  6600
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6541 ATCACATTCAGCTGGGATCAAGATAGCCTTCTGGATCTTGAAGGAGAAGCTGGATTCCA  6600

Qy  6601 TTAGGTGAGGTTGAAGATGATGGGAGGTTGAAGATGATGGGAGGTCAACAGACGGAGCAACCATGTGGTAGGAGA  6660
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6601 TTAGGTGAGGTTGAAGATGATGGGAGGTTGAAGATGATGGGAGGTCAACAGACGGAGCAACCATGTGGTAGGAGA  6660

Qy  6661 GAGTATAAGGCATACTGGGAGGATTAGAAATAATTACTGTACCTTAACCCTGAGTTTGCGT  6720
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6661 GAGTATAAGGCATACTGGGAGGATTAGAAATAATTACTGTACCTTAACCCTGAGTTTGCGT  6720

Qy  6721 AGCTATCACTCACCACCAATTATGCATTTCTACCCCCTGACAATCTGTGGTGTAGGGAAAGA  6780
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6721 AGCTATCACTCACCACCAATTATGCATTTCTACCCCCTGACAATCTGTGGTGTAGGGAAAGA  6780

Qy  6781 GAATCAGAAAGAAGCCAGCTCATACAGAGTCCAAGGGTCTTTTGGGATATTGGGTTATGA  6840
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6781 GAATCAGAAAGAAGCCAGCTCATACAGAGTCCAAGGGTCTTTTGGGATATTGGGTTATGA  6840

Qy  6841 TCACTGGGGTGTCATTGAAGGATCGTCAAGGAAGGAGGACCACGATCTCCCTTATATGGGTG  6900
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6841 TCACTGGGGTGTCATTGAAGGATCGTCAAGGAAGGAGGACCACGATCTCCCTTATATGGTG  6900

Qy  6901 AATGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGAGGTAGGAGGACCAAGTAGAAAGCCAATAAGCAT  6960
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6901 AATGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGAGGTAGGAGGACCAAGTAGAAAGCCAATAAGCAT  6960

Qy  6961 TTCCAGATGAGAGATGAGAGCCCAGGTCTTCTTGAAATCCAATTGACATGG  7020
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6961 TTCCAGATGAGAGATGAGAGCCCAGGTCTTCTTGAAATCCAATTGACATGG  7020
```

```
Qy    7021 GTGAATGAGGAAATAAGGAAGGAGAGAGAGAGGCAAGATGGTGCCTAGGTTTGTGATGCCT 7080
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    7021 GTGAATGAGGAAATAAGGAAGGAGAGAGAGAGGCAAGATGGTGCCTAGGTTTGTGATGCCT 7080

Qy    7081 CTTTCCTGGGTCTCTGTCTGTCTCCACAGGAGAGCCATGGGGCCACTACGTCTTAGCTGAACG 7140
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    7081 CTTTCCTGGGTCTCTGTCTGTCTCCACAGGAGAGCCATGGGGCCACTACGTCTTAGCTGAACG 7140

Qy    7141 TGAGTGACACGCAGCTGCAGACTCACTGTGGAAGGAGACAAAACTAGAGACTTCAAAGA 7200
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    7141 TGAGTGACACGCAGCTGCAGACTCACTGTGGAAGGAGACAAAACTAGAGACTTCAAAGA 7200

Qy    7201 GGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCATGTTTCAGGAGGAGAGTTGAACCTAAACATAGAAATT 7260
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    7201 GGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCATGTTTCAGGAGGAGAGTTGAACCTAAACATAGAAATT 7260

Qy    7261 GCCTGACGAACTCCTTGATTTAGCCTTCTCTGTTCCTCAAAAAGATTTCCCCAT 7320
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    7261 GCCTGACGAACTCCTTGATTTAGCCTTCTCTGTTCCTCAAAAAGATTTCCCCAT 7320

Qy    7321 TTAGGTTTCTGAGTTCCTGCATGCCGGTGATCCCTAGCTGTGACCTCTCCCCTGGAACTG 7380
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    7321 TTAGGTTTCTGAGTTCCTGCATGCCGGTGATCCCTAGCTGTGACCTCTCCCCTGGAACTG 7380

Qy    7381 TCTCTCATGAACCTCAAGCTGCATCTAGAGGCTTCCTTCGCCGTCACCTCAGAG 7440
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    7381 TCTCTCATGAACCTCAAGCTGCATCTAGAGGCTTCCTTCGCCGTCACCTCAGAG 7440

Qy    7441 ACATACACCTATGTCATTTCATTCCTATTTTGGAAGAGGACTCCTTAAATTTGGGGA 7500
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    7441 ACATACACCTATGTCATTTCATTCCTATTTTGGAAGAGGACTCCTTAAATTTGGGGA 7500

Qy    7501 CTTACATGATTCATTTTAACATCTGAGAAAGCTTTGAACCCTGGGACCTGGCTAGTCAT 7560
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    7501 CTTACATGATTCATTTTAACATCTGAGAAAGCTTTGAACCCTGGGACCTGGCTAGTCAT 7560

Qy    7561 AACCTTACCACAGATTTTTACACATGTATCTATGCATTTTCTGGACCCGTTCAACTTTTCCT 7620
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    7561 AACCTTACCACAGATTTTTACACATGTATCTATGCATTTTCTGGACCCGTTCAACTTTTCCT 7620

Qy    7621 TTGAATCCTCTCTGTGTTACCCAGTAACTCATCTGTCACCAAGCCTTGGGGATTCTTC 7680
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    7621 TTGAATCCTCTCTGTGTTACCCAGTAACTCATCTGTCACCAAGCCTTGGGGATTCTTC 7680

Qy    7681 CATCTGATTGTGATGTGAGGCTGCACAGCTATGCACGTACACTGCACGAATGGAAGAG 7740
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    7681 CATCTGATTGTGATGTGAGGCTGCACAGCTATGCACGTACACTGCACGAATGGAAGAG 7740

Qy    7741 GCACCTTGTCCCAGAAAAAGCATCATGGCTATCGTGTGGGTAGTAGTCGTGTTTTAGC 7800
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    7741 GCACCTTGTCCCAGAAAAAGCATCATGGCTATCGTGTGGGTAGTAGTCGTGTTTTAGC 7800

Qy    7801 AGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGTTGTGAAGAGGTGTTTTTCTAATTGGCATGA 7860
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    7801 AGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGTTGTGAAGAGGTGTTTTTCTAATTGGCATGA 7860

Qy    7861 AGGTGTCATACAGATTTGCAAAGTTTAATGGTGCCTTCATTTGGATGCGTACTCTAGTAT 7920
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    7861 AGGTGTCATACAGATTTGCAAAGTTTAATGGTGCCTTCATTTGGATGCGTACTCTAGTAT 7920

Qy    7921 TCCAGACCTGAAGAATCACAAATCACACTTACTTGTCTCCTGTTCCTGTTGTTCGATAATGAAA 7980
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    7921 TCCAGACCTGAAGAATCACAAATCACACTTACTTGTCTCCTGTTCCTGTTGTTCGATAATGAAA 7980

Qy    7981 ATTATGATAAGGATGATAAAAGCACTTACTTGGTCCCGACTCTTCTGAGCACCTACTTA 8040
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    7981 ATTATGATAAGGATGATAAAAGCACTTACTTGGTCCCGACTCTTCTGAGCACCTACTTA 8040

Qy    8041 CATGCATTACTGCACTTCTTTACAATAATTCTTACAATAATTCTGCACCTACTTA 8100
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    8041 CATGCATTACTGCACTTCTTTACAATAATTCTTACAATAATTCTGCACCTACTTA 8100
```

```
Qy    8101 TTCTTTTTTAAATGAAGAAGTGAAGTGAAGTAGGCCGGCACGGTGGCTCACGCCTGTAATCCC 8160
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    8101 TTCTTTTTTAAATGAAGAAGTGAAGTGAAGTAGGCCGGCACGGTGGCTCACGCCTGTAATCCC 8160

Qy    8161 AGCACTTGGGAGGCCAAAGCGGTTGGATCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCCTGGC 8220
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    8161 AGCACTTGGGAGGCCAAAGCGGTTGGATCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCCTGGC 8220

Qy    8221 TAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGCAG 8280
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    8221 TAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGCAG 8280

Qy    8281 ACGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGAAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCGTGAACCCAGGAGG 8340
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    8281 ACGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGAAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCGTGAACCCAGGAGG 8340

Qy    8341 CAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTTGCGCACTGACTACGGTTGACAGAGTGAGA 8400
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    8341 CAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTTGCGCACTGACTACGGTTGACAGAGTGAGA 8400

Qy    8401 CTCCATCTCAAAAAATAAAAATAAAAATAAAAATGAAAAAAAAGAAAGTGAAGTA 8460
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    8401 CTCCATCTCAAAAAATAAAAATAAAAATAAAAATGAAAAAAAAGAAAGTGAAGTA 8460

Qy    8461 TAGAGTATCTCATAGTTTGTCAGTGAGTGAGAAATCAGGTTTCAAACTCAGTCAATCTGACCG 8520
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    8461 TAGAGTATCTCATAGTTTGTCAGTGAGTGAGAAATCAGGTTTCAAACTCAGTCAATCTGACCG 8520

Qy    8521 TTTGATACATCTCAGACACCACTAGTTTAGATGCCTAGAATAAAATAGAGAA 8580
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    8521 TTTGATACATCTCAGACACCACTAGTTTAGATGCCTAGAATAAAATAGAGAA 8580

Qy    8581 GGAAGGAGATGGCTCTTCTCTGTCTTCTCATGTTGTTTCTTCTGAGTGAGCTTGAATCACAT 8640
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    8581 GGAAGGAGATGGCTCTTCTCTGTCTTCTCATGTTGTTTCTTCTGAGTGAGCTTGAATCACAT 8640

Qy    8641 GAAGGGAACAGCAGCAGAAAACAACCAACTGATCCTCAGCTGTCATGTTCCTTAAAAGTC 8700
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    8641 GAAGGGAACAGCAGCAGAAAACAACCAACTGATCCTCAGCTGTCATGTTCCTTAAAAGTC 8700

Qy    8701 CCTGAAGGAAGGTCCTGGAATGACTCCCCGTTGCTTCCTCGTTGCTCTCTTTGGCATTCA 8760
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    8701 CCTGAAGGAAGGTCCTGGAATGACTCCCCGTTGCTTCCTCGTTGCTCTCTTTGGCATTCA 8760

Qy    8761 TTTCTTTGGACCCTACGCAAGGACTGTAAATTGGTGGGGACAGCTAGTGGCCCTGCTGGGC 8820
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    8761 TTTCTTTGGACCCTACGCAAGGACTGTAAATTGGTGGGGACAGCTAGTGGCCCTGCTGGGC 8820

Qy    8821 TTCACACGGTGTCCTCCTAGGCCAGTGAGTCAGAACTCTCGTGGTATTTC 8880
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    8821 TTCACACGGTGTCCTCCTAGGCCAGTGAGTCAGAACTCTCGTGGTATTTC 8880

Qy    8881 CCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCCATTTTGAGATGGTATAATGGAAGCCACCAAGTG 8940
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    8881 CCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCCATTTTGAGATGGTATAATGGAAGCCACCAAGTG 8940

Qy    8941 GCTTAGAGGATGCCCAGGTCCTTCCCATGGAGCCACTGGGGTTCCGGTGCACATTAAAAAA 9000
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    8941 GCTTAGAGGATGCCCAGGTCCTTCCCATGGAGCCACTGGGGTTCCGGTGCACATTAAAAAA 9000

Qy    9001 AAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCTAGATTCTGGGAAATCAGTTCACCATGTTCA 9060
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9001 AAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCTAGATTCTGGGAAATCAGTTCACCATGTTCA 9060

Qy    9061 AAAGAGTCTTTTTTTTTTGAGACTCTATTGCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCATGAT 9120
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9061 AAAATCTTTTTTTTTTTTGAGACTCTATTGCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCATGAT 9120

Qy    9121 CTCGGCTCACTGCATGCAATGCTGCCTCCCCAGGTTCAAGCGATTCTCCTGTCTCAGCCTCCCA 9180
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9121 CTCGGCTCACTGCATGCAATGCTGCCTCCCCAGGTTCAAGCGATTCTCCTGTCTCAGCCTCCCA 9180

Qy    9181 AGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCATGCCCGGCTAATTTTTGTATTTTTAGTAGA 9240
```

```
Db  9181  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  9181  AGTAGCTGGGATTACAGGCGTGACCACCACGTGCCGGCTAATTTTTGTATTTTTAGTAGA  9240
Db        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  9241  GACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCCTGACCTCGTGATCCGCC  9300
Db  9241  GACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCCTGACCTCGTGATCCGCC  9300
Qy  9301  TGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGTGTGAGCCACCTGCCCAGCCGTCAAA  9360
Db  9301  TGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGTGTGAGCCACCTGCCCAGCCGTCAAA  9360
Qy  9361  AGAGTCTTAATATATATCCAGATGGCATGTGTTTACTTTATGTTACTACATGCACTTG  9420
Db  9361  AGAGTCTTAATATATATCCAGATGGCATGTGTTTACTTTATGTTACTACATGCACTTG  9420
Qy  9421  GCTGCCATAAATGTGGTACAAGCATTCTGTCTTGAAGGGCAGGTGCTTCAGGATACCATAT  9480
Db  9421  GCTGCCATAAATGTGGTACAAGCATTCTGTCTTGAAGGGCAGGTGCTTCAGGATACCATAT  9480
Qy  9481  ACAGCTCAGAAGTTTCTTCTTTAGGCATTAAATTTTAGCAAAGATATCTCATCTCTTCTT  9540
Db  9481  ACAGCTCAGAAGTTTCTTCTTTAGGCATTAAATTTTAGCAAAGATATCTCATCTCTTCTT  9540
Qy  9541  TTAAACCATTTCTTTTCTTTTTGTGTTAGAAAAGTTATGTAGAAAAAGTAAATGTGATTT  9600
Db  9541  TTAAACCATTTCTTTTCTTTTTGTGTTAGAAAAGTTATGTAGAAAAAGTAAATGTGATTT  9600
Qy  9601  ACGCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAAATGAATACAATTAAAGCTGTTATTTAATTAGCCAG  9660
Db  9601  ACGCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAAATGAATACAATTAAAGCTGTTATTTAATTAGCCAG  9660
Qy  9661  TGAAAAACTATTAACAACTGTCTATTACCTGTTAGTATTATTGTTGCATTAAAAATGCA  9720
Db  9661  TGAAAAACTATTAACAACTGTCTATTACCTGTTAGTATTATTGTTGCATTAAAAATGCA  9720
Qy  9721  TATACTTTAATAAATGTATATTGTATTGTATGCTGCATGATTTTATTGAAGTCTTGTTC  9780
Db  9721  TATACTTTAATAAATGTATATTGTATTGTATGCTGCATGATTTTATTGAAGTCTTGTTC  9780
Qy  9781  ATCTTGTGTATATACTTTAATCGCTTGTCATTTGGAGACATTTATTTGCTTCTAATTT  9840
Db  9781  ATCTTGTGTATATACTTTAATCGCTTGTCATTTGGAGACATTTATTTGCTTCTAATTT  9840
Qy  9841  CTTTACATTTGTCTTACGGAATATATTTCATTCAACTGTGGTAGCCGGAATTAATCGTGTT  9900
Db  9841  CTTTACATTTGTCTTACGGAATATATTTCATTCAACTGTGGTAGCCGGAATTAATCGTGTT  9900
Qy  9901  TCTTCACTCTAGGGACATTGTCGTCTAAGTTGTAAGACATTGGTTATTTTACCAGCAAAC  9960
Db  9901  TCTTCACTCTAGGGACATTGTCGTCTAAGTTGTAAGACATTGGTTATTTTACCAGCAAAC  9960
Qy  9961  CATTCTGAAAGCATATGCAAAATTATTTCTCTCTAATATCTTACTATACTGAAAGCAGA  10020
Db  9961  CATTCTGAAAGCATATGCAAAATTATTTCTCTCTAATATCTTACTATACTGAAAGCAGA  10020
Qy  10021  CTGCTATAAGGCTTCACTTACTACTCCTCTACCTCATAAGGAATATGTTACAATTAATTTATT  10080
Db  10021  CTGCTATAAGGCTTCACTTACTACTCCTCTACCTCATAAGGAATATGTTACAATTAATTTATT  10080
Qy  10081  AGTTAAGCATTGTTTATATATGGTTTTATTTGTTTATTGTTTATTTCACCTGAGCATTTCAAGAAACACC  10140
Db  10081  AGGTAAGCATTGTTTATATATTGGTTTTATTTGTTTATTGTTTATTTCACCTGAGCATTTCAAGAAACACC  10140
Qy  10141  CCAGTCTTCACAGTAACAACATTTCACTAACACATTTACTAAACATCAGCAACTGTGGCCT  10200
Db  10141  CCAGTCTTCACAGTAACAACATTTCACTAACACATTTACTAAACATCAGCAACTGTGGCCT  10200
Qy  10201  GTTAATTTTTTAATAGAATTTTAAGTCCTCATTTCTTTTCCGTGTTTTTTTAAGCTTAA  10260
Db  10201  GTTAATTTTTTAATAGAAATTTTAAGTCCTCATTTCTTTTCCGTGTTTTTTTAAGCTTAA  10260
Qy  10261  TTTTTCTGGCTTATTCATAAATTCTTAAGGTCAACTACATTGAAAAATCAAAGACCTG  10320
```

```
Db  10261  TTTTTCTGGCTTATTCATAAATTCTTAAGGTCAACTACATTGAAAAATCAAAGACCTG  10320
Qy  10321  CATTTAAATTCTTATTCACCCTGGCAAAACCATTCACAAACCATGTAGTAAAGAGAA  10380
Db  10321  CATTTAAATTCTTATTCACCCTGGCAAAACCATTCACAAACCATGTAGTAAAGAGAA  10380
Qy  10381  GGGTGACACCTGGTGGCCATAGGTAAATGTACCACGGTGTCCGGTGACCAGAGATGCAG  10440
Db  10381  GGGTGACACCTGGTGGCCATAGGTAAATGTACCACGGTGTCCGGTGACCAGAGATGCAG  10440
Qy  10441  CGCTGAGGGTTTCCTGAAGGTAAAGGAATAAAGAATGGGTGGAGGGGCGTGCACTGGAA  10500
Db  10441  CGCTGAGGGTTTCCTGAAGGTAAAGGAATAAAGAATGGGTGGAGGGGCGTGCACTGGAA  10500
Qy  10501  ATCACTTGTGAGAGAAAAGCCCCTGAAAATTTGAGAAAACAAACAAGAAACTACTTACCAG  10560
Db  10501  ATCACTTGTGAGAGAAAAGCCCCTGAAAATTTGAGAAAACAAACAAGAAACTACTTACCAG  10560
Qy  10561  CTATTTGAATTGCTGGAATCACAGGCCATTGCTGAGCTGCCTGAACTGGGAACACAACAG  10620
Db  10561  CTATTTGAATTGCTGGAATCACAGGCCATTGCTGAGCTGCCTGAACTGGGAACACAACAG  10620
Qy  10621  AAGGAAAACAAACCACTCTGATAATCATGAGTCAAGTACAGCAGGACTGC  10680
Db  10621  AAGGAAAACAAACCACTCTGATAATCATGAGTCAAGTACAGCAGGACTGC  10680
Qy  10681  TGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTTATGTTGTATTATAATAATGTCATCTTATAATACTGT  10740
Db  10681  TGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTTATGTTGTATTATAATAATGTCATCTTATAATACTGT  10740
Qy  10741  CAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTCACACACATTTAAAAACAAAACACTGTCTC  10800
Db  10741  CAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTCACACACATTTAAAAACAAAACACTGTCTC  10800
Qy  10801  TAAAATCCCAAATTTTCATAAAC  10825
Db  10801  TAAAATCCCAAATTTTCATAAAC  10825
```

```
APPLICATION NUMBER:  08/632,673
FILING DATE:  16-Apr-1996
PRIOR APPLICATION DATA:
APPLICATION NUMBER:  08/630,912
FILING DATE:  04-Apr-1996
ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
NAME:  Poissant, Brian M.
REGISTRATION NUMBER:  28,462
REFERENCE/DOCKET NUMBER:  8907-0088-999
TELECOMMUNICATION INFORMATION:
TELEPHONE:  212-790-9090
TELEFAX:  212-869-9741
TELEX:  66141
INFORMATION FOR SEQ ID NO:  7:
SEQUENCE CHARACTERISTICS:
LENGTH:  10825 base pairs
TYPE:  nucleic acid
STRANDEDNESS:  single
TOPOLOGY:  linear
MOLECULE TYPE:  DNA (genomic)
FEATURE:
NAME/KEY:  CDS
LOCATION:  join(361..436, 3762..4025, 4235..4510, 5606..5881,
          6040..6153, 7107..7147)
OTHER INFORMATION:  /product= "Hereditary Hemochromatosis
OTHER INFORMATION:  and 24d2 mutations"
OTHER INFORMATION:  /note= "Hereditary Hemochromatosis (HH)
OTHER INFORMATION:  gene containing a combination of both
OTHER INFORMATION:  24d1 and 24d2 alleles"
FEATURE:
NAME/KEY:  -
LOCATION:  140..7319
OTHER INFORMATION:  /note= "start and stop positions for
OTHER INFORMATION:  cDNA containing a combination of both
OTHER INFORMATION:  24d1 and 24d2 alleles
OTHER INFORMATION:  for 24d2(G) allele (SEQ ID NO:42)"
OTHER INFORMATION:  (SEQ ID NO:12)"
FEATURE:
NAME/KEY:  -
LOCATION:  3852..3891
OTHER INFORMATION:  /note= "start and stop positions for
OTHER INFORMATION:  genomic sequence surrounding variant
OTHER INFORMATION:  for 24d2(G) allele (SEQ ID NO:42)"
FEATURE:
NAME/KEY:  -
LOCATION:  5507..6023
OTHER INFORMATION:  /note= "start and stop positions for
OTHER INFORMATION:  genomic sequence surrounding variant
OTHER INFORMATION:  for 24d1(A) allele (SEQ ID NO:21)"
FEATURE:
NAME/KEY:  allele
LOCATION:  replace(3872, "g")
OTHER INFORMATION:  /phenotype= "Hereditary Hemochromatosis"
OTHER INFORMATION:  /label= 24d2
FEATURE:
NAME/KEY:  allele
LOCATION:  replace(5834, "a")
OTHER INFORMATION:  /phenotype= "Hereditary Hemochromatosis"
OTHER INFORMATION:  /label= 24d1
US-09-503-444A-7
```

```
Query Match    100.0%;   Best Local Similarity  100.0%;
Score 10823.4;   DB 4;   Length 10825;
Matches 10824;  Conservative  0;  Mismatches  0;  Indels  1;  Gaps  0;  Pred. No. 0;

Qy     1 TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTAAATGTATGATTGAATTTGAAAATCATAAATATTTA 60
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1 TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTAAATGTATGATTGAATTTGAAAATCATAAATATTTA 60

Qy    61 AATATCTAAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTTCCCCAATCAACACCACCCCT 120
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    61 AATATCTAAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTTCCCCAATCAACACCACCCCT 120

Qy   121 TCAGGATTAAAAACCAAGGGGACACTGGATCACCTAGTGTTCACAAGCAGGTACCTT 180
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   121 TCAGGATTAAAAACCAAGGGGACACTGGATCACCTAGTGTTCACAAGCAGGTACCTT 180

Qy   181 CTGCTGTGAGGAGAGAGGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTTGCTTTTCACCAGGAAGTT 240
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   181 CTGCTGTGAGGAGAGAGGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTTGCTTTTCACCAGGAAGTT 240

Qy   241 TTACTGGCATCTCCTGAGCCTAGGCAATAGCTGTAGGGTGACTTCTGGAGCCATCCCCG 300
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   241 TTACTGGCATCTCCTGAGCCTAGGCAATAGCTGTAGGGTGACTTCTGGAGCCATCCCCG 300

Qy   301 TTTCCCGCCCCCAAAAGAGAGCGGAGATTTAACGGGACGTGCGCCCAGAGCTGGGGAA 360
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   301 TTTCCCGCCCCCAAAAGAGAGCGGAGATTTAACGGGACGTGCGCCCAGAGCTGGGGAA 360

Qy   361 ATGGGCCCGCGGCCAGCCAGGCCGCGGCCGGCTTCTCCTCTTCTGCGTCCAGACCCGCGGTCCTG 420
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   361 ATGGGCCCGCGGCCAGCCAGGCCGCGGCCGGCTTCTCCTCTTCTGCGTCCAGACCCGCGGTCCTG 420

Qy   421 CAGGGGCGCGCTTGCTGCGTGAGTCCGAGGCTCGCGGCGGAACTAGGGGCCGGCGGGGGTG 480
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   421 CAGGGGCGCGCTTGCTGCGTGAGTCCGAGGCTCGCGGCGGAACTAGGGGCCGGCGGGGGTG 480

Qy   481 GAAAAATCGAAACTAGCTTTTCTTTGGCGTTGCTAACTTTGGAGGACCTGC 540
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   481 GAAAAATCGAAACTAGCTTTTCTTTGGCGTTGCTAACTTTGGAGGACCTGC 540

Qy   541 TCAACCCTATCCGCAAGCCCCTCTCCCTACTTTCTGCGTCCAGACCCCCGTGAGGGAGTGC 600
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   541 TCAACCCTATCCGCAAGCCCCTCTCCCTACTTTCTGCGTCCAGACCCCCGTGAGGGAGTGC 600

Qy   601 CTACCACTGAACTGCAGATAGGGTTCCCTCGCCCCAGGACTGCCCCCGGCTGT 660
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   601 CTACCACTGAACTGCAGATAGGGTTCCCTCGCCCCAGGACTGCCCCCGGCTGT 660

Qy   661 CCCGGCTCTGCGGAGTGACTTTGGAACCGCCCACTCCCTTCCCCAACTAGAATGCTTT 720
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   661 CCCGGCTCTGCGGAGTGACTTTGGAACCGCCCACTCCCTTCCCCAACTAGAATGCTTT 720

Qy   721 TAAATAAATCTCGTAGTTCCTCACTTGAGCTGAGCTAAGGCCTCCTTGAACCTGG 780
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   721 TAAATAAATCTCGTAGTTCCTCACTTGAGCTGAGCTAAGGCCTCCTTGAACCTGG 780

Qy   781 AACTCGGGTTTATTTCCAATGTCAGCGTGTCCAGTTTTTCCCAGTCATCTCCAAACAGG 840
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   781 AACTCGGGTTTATTTCCAATGTCAGCGTGTCCAGTTTTTCCCAGTCATCTCCAAACAGG 840

Qy   841 AAGTTCTTCCCTGAGTGCTTGCCGAGAAGGCTGAGCAAACCCAGACAGGATCCGCACGG 900
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   841 AAGTTCTTCCCTGAGTGCTTGCCGAGAAGGCTGAGCAAACCCAGACAGGATCCGCACGG 900

Qy   901 GGTTTCCACCTCAGAACGAATGCGTTGGGGCGGCGGAAAGAGTGGCGTTGGGGA 960
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   901 GGTTTCCACCTCAGAACGAATGCGTTGGGGCGGCGGAAAGAGTGGCGTTGGGGA 960

Qy   961 TCTGAATTCTTCACCATTCCACCCACTTTTGGTGAGACCTGGGGTGGAGGTCTCTAGGGT 1020
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   961 TCTGAATTCTTCACCATTCCACCCACTTTTGGTGAGACCTGGGGTGGAGGTCTCTAGGGT 1020

Qy  1021 GGGAGGCTCCTGAGAGAGGCCTACCTCGGGCCTTTCCCCACTCTTGGCAATTGTTCTTTT 1080
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1021 GGGAGGCTCCTGAGAGAGGCCTACCTCGGGCCTTTCCCCACTCTTGGCAATTGTTCTTTT 1080

Qy  1081 GCCTGGAAAATTAAGTATATGTTAGTTTTGAACTGAACAATTCTCTTTTCGG 1140
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1081 GCCTGGAAAATTAAGTATATGTTAGTTTTGAACTGAACAATTCTCTTTTCGG 1140

Qy  1141 CTAGGCTTTATTCATTTCGAGATAAGTGCGTGTAATTAAGAGCGCCTCTCACAAAGTACTGA 1200
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db  1141 CTAGGCTTTATTGATTTGCAATGCTGCTGTGTAATTAAGAGGCCTCCTACAAAGTACTGA 1200

Qy  1201 TAATGAACATGTAAGCAATGCAATGCCACTTCACTTCATATCGATCTTATTTGA 1260
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1201 TAATGAACATGTAAGCAATGCAATGCCACTTCACTTCATATCGATCTTATTTGA 1260

Qy  1261 TTTTCACTAGGCATAGGGAGGTAGGAGCTAATAATACGTTTATTTTACTAGAGTTAACT 1320
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1261 TTTTCACTAGGCATAGGGAGGTAGGAGCTAATAATACGTTTATTTTACTAGAGTTAACT 1320

Qy  1321 GGAATTCAGATTATATAACTCTTTTCAGTTACAAAGAACATAAATAATCTGGTTTTCTG 1380
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1321 GGAATTCAGATTATATAACTCTTTTCAGTTACAAAGAACATAAATAATCTGGTTTTCTG 1380

Qy  1381 ATGTTTATTTCAAGTACTACAGCTGCTTCTAATCTTAGTTGACAGTGATTTGCCCTGGTAG 1440
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1381 ATGTTTATTTCAAGTACTACAGCTGCTTCTAATCTTAGTTGACAGTGATTTGCCCTGGTAG 1440

Qy  1441 TGTAGCACAGTGTTCGTGGGTCACACGCGGGCCTCAGCACAGCACTTTGAGTTTTGGTA 1500
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1441 TGTAGCACAGTGTTCGTGGGTCACACGCGGGCCTCAGCACAGCACTTTGAGTTTTGGTA 1500

Qy  1501 CTACGTGTATCCACATTTTACAACATGACAAGAATGAGGCATGGCACGGCCTGCTTCCTGG 1560
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1501 CTACGTGTATCCACATTTTACAACATGACAAGAATGAGGCATGGCACGGCCTGCTTCCTGG 1560

Qy  1561 CAAATTTATTCAATGTACTACTGGGCTTTGGTGCGCAGAGCTCATGTCTCCACTTCATAGC 1620
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1561 CAAATTTATTCAATGTACTACTGGGCTTTGGTGCGCAGAGCTCATGTCTCCACTTCATAGC 1620

Qy  1621 TATGATTCTTAAACATCACACTGCATTAGAGTTGAATAATAAAATTCATGTTGAGCAG 1680
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1621 TATGATTCTTAAACATCACACTGCATTAGAGTTGAATAATAAAATTCATGTTGAGCAG 1680

Qy  1681 AAATATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGTCCCAGCCATGTGTTGCACTGTTCAAGCCC 1740
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1681 AAATATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGTCCCAGCCATGTGTTGCACTGTTCAAGCCC 1740

Qy  1741 CAAGGGAGAGCAGCAGGCAAACAAGTCTTTACCCTTTGATATTTGCATTCTAGTGGGAGA 1800
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1741 CAAGGGAGAGCAGCAGGCAAACAAGTCTTTACCCTTTGATATTTGCATTCTAGTGGGAGA 1800

Qy  1801 GATGACAATAAGCAAATGAGCAGAAAGTATACAACATCAGGAAATCATGGGTGTTGTGA 1860
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1801 GATGACAATAAGCAAATGAGCAGAAAGAATACAACATCAGGAAATCATGGGTGTTGTGA 1860

Qy  1861 GAAGCAGAGAAGTCAGGGCAAGTCACTCTCTGGGGCTGACACTTGAGCGAGCATGAAGGA 1920
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1861 GAAGCAGAGAAGTCAGGGCAAGTCACTCTCTGGGGCTGACACTTGAGCGAGCATGAAGGA 1920

Qy  1921 AATAAGAAATGATATTGACTCGGAGCAGTATTTCCCAGGCAAACTGAGTCGGCCTTGGCAAG 1980
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1921 AATAAGAAATGATATTGACTCGGAGCAGTATTTCCCAGGCAAACTGAGTCGGCCTTGGCAAG 1980

Qy  1981 TTGGATTAAAAAGCGGGTTTCTCAGCACTCCCCCAGTCTTGTGTGTGTCGGGGGGGG 2040
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1981 TTGGATTAAAAAGCGGGTTTCTCAGCACTCCCCCAGTCTTGTGTGTGTCGGGGGGGG 2040

Qy  2041 CGGCGTGGGGGGTGGGAAGGGACTACCATCTGCATGTAGGATGTCTAGCAGTGCTCCTGT 2100
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2041 CGGCGTGGGGGGTGGGAAGGGACTACCATCTGCATGTAGGATGTCTAGCAGTGCTCCTGT 2100

Qy  2101 CCTCCCTACTCACTAGGTGCTAGGAGCACTCCCCCAGTCTTGACAACCAAAAATGTCTCT 2160
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2101 CCTCCCTACTCACTAGGTGCTAGGAGCACTCCCCCAGTCTTGACAACCAAAAATGTCTCT 2160

Qy  2161 AAACTTTGCCACATGTCACCTGTCTAGGACAAACTCCTTGGTTAAGAAGCTCGGGTTGAAAA 2220
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2161 AAACTTTGCCACATGTCACCTGTCTAGGACAAACTCCTTGGTTAAGAAGCTCGGGTTGAAAA 2220

Qy  2221 AATAAACAAGTAGTGCTGCTGGGGAGTAGGGAGTAGGAGCCAAGAAGTAGGTAATGGGCTT 2280
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2221 AATAAACAAGTAGTGCTGCTGGGGAGTAGGGAGTAGGAGCCAAGAAGTAGGTAATGGGCTT 2280
```

```
Qy  2281 GCCACAAACAAGGTTGTGCAGGCGCCTGTAGGCTGTGTGGTGTGAATTCTAGCCAAGGAGTA 2340
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2281 GCCACAAACAAGGTTGTGCAGGCGCCTGTAGGCTGTGTGGTGTGAATTCTAGCCAAGGAGTA 2340

Qy  2341 ACAGTGATCTGTCACAGGCTTTTAAAAGATTGCTCGTCGCTGCTCGTATGTGGAAAGCAGAATG 2400
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2341 ACAGTGATCTGTCACAGGCTTTTAAAAGATTGCTCGTCGCTGCTCGTATGTGGAAAGCAGAATG 2400

Qy  2401 AAGGAGCAACAGTAAAAGCAGGGAGCCCAGCCAGCAGGAAGCTGTACACAGTCCAGGCAAG 2460
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2401 AAGGAGCAACAGTAAAAGCAGGGAGCCCAGCCAGCAGGAAGCTGTACACAGTCCAGGCAAG 2460

Qy  2461 AGGTAGTGGAGTGGGCTGGGTGGGTGGGAACAGAAAAGGAGTGACAAACCATTGTCTCCTGAA 2520
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2461 AGGTAGTGGAGTGGGCTGGGTGGGTGGGAACAGAAAAGGAGTGACAAACCATTGTCTCCTGAA 2520

Qy  2521 TATATTCTGAAGGAAGTTGCTGAAGGATTCTATGTTGTGTGAGAAGAGAAGAGAATTGG 2580
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2521 TATATTCTGAAGGAAGTTGCTGAAGGATTCTATGTTGTGTGAGAAGAGAAGAGAATTGG 2580

Qy  2581 CTGGGTGTAGTAGCTCATGCCAAGGAGGAGGCCAAGGAGAGCAGAATTCCTGAGCTCAGGA 2640
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2581 CTGGGTGTAGTAGCTCATGCCAAGGAGGAGGCCAAGGAGAGCAGAATTCCTGAGCTCAGGA 2640

Qy  2641 GTTCAAGACCAGCCTGGGCAACACAGCAAAAACCCCTCTCTACAAAAATACAAAAATTA 2700
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2641 GTTCAAGACCAGCCTGGGCAACACAGCAAAAACCCCTCTCTACAAAAATACAAAAATTA 2700

Qy  2701 GCTGGGTGGTGGTGCATGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGGAGGCTGAGGCAGGTGGAGGGTA 2760
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2701 GCTGGGTGGTGGTGCATGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGGAGGCTGAGGCAGGTGGAGGGTA 2760

Qy  2761 TTGCTTGAGCCCAGGAGGTTGAGGCTGCAGTGAGCCATGAGTGCCACTGTACTTCAGC 2820
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2761 TTGCTTGAGCCCAGGAGGTTGAGGCTGCAGTGAGCCATGAGTGCCACTGTACTTCAGC 2820

Qy  2821 CTAGGTGACAGAGCAAGACTGTCTCCCGTCTCTCCCCCTGAAAAGAAGAAGAGTAAAGT 2880
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2821 CTAGGTGACAGAGCAAGACTGTCTCCCGTCTCTCCCCCTGAAAAGAAGAAGAGTAAAGT 2880

Qy  2881 TGACTTGTTCTTTATTTTAATTTATTGGCTGGCAGTGGGTAATTGGCAATGCCAT 2940
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2881 TGACTTGTTCTTTATTTTAATTTATTGGCTGGCAGTGGGTAATTGGCAATGCCAT 2940

Qy  2941 TTCTGAGATGGTGAAGGCAGAGAGAAAGAGCAGTTTGGGTAAATCAAGGATCTGCATTTG 3000
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2941 TTCTGAGATGGTGAAGGCAGAGAGAAAGAGCAGTTTGGGTAAATCAAGGATCTGCATTTG 3000

Qy  3001 GGACATGTTAAGTTGAGATTCCAGTTGAGATTCCAAGTGGTGAGGCCCACATAGGCAGTT 3060
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3001 GGACATGTTAAGTTGAGATTCCAGTTGAGATTCCAAGTGGTGAGGCCCACATAGGCAGTT 3060

Qy  3061 CAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGGCACGGTGGCTCACTTCTGTAATCCCAGCACT 3120
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3061 CAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGGCACGGTGGCTCACTTCTGTAATCCCAGCACT 3120

Qy  3121 TTGGTGGGCTGAGGCAGGTAGATCATTTGAGGTTTGAGACAAGCCTTGGCCAACAGTGTGT 3180
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3121 TTGGTGGGCTGAGGCAGGTAGATCATTTGAGGTTTGAGACAAGCCTTGGCCAACAGTGTGT 3180

Qy  3181 TGGTGAAACCCCATGTCTACTAAAAATACAAAAATTAGCCTGGTGTGGTGGCGCACGCCT 3240
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3181 TGGTGAAACCCCATGTCTACTAAAAATACAAAAATTAGCCTGGTGTGGTGGCGCACGCCT 3240

Qy  3241 ATAGTCCCAGTTTCAGGAGGCTTAAGTAGGAGAATCCCTTGAACCCAGGAGGTGCAGG 3300
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3241 ATAGTCCCAGTTTCAGGAGGCTTAAGTAGGAGAATCCCTTGAACCCAGGAGGTGCAGG 3300

Qy  3301 TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGATGAGAGTGAGACTCTGT 3360
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3301 TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGATGAGAGTGAGACTCTGT 3360
```

```
Qy  3361  CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATTTGGG  3420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3361  CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATTTGGG  3420

Qy  3421  TCTAATTTGCCCTGAGCACCAACTCCTGAGTTCAACTACCATGGCTAGACACACCTTAAC  3480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3421  TCTAATTTGCCCTGAGCACCAACTCCTGAGTTCAACTACCATGGCTAGACACACCTTAAC  3480

Qy  3481  ATTTTCTAGAATCCACCAGCTTAGTGGAGTCTGTCTAATCATGAGTATTGGAATAGGAT  3540
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3481  ATTTTCTAGAATCCACCAGCTTAGTGGAGTCTGTCTAATCATGAGTATTGGAATAGGAT  3540

Qy  3541  CTGGGGCAGTGAGGGCGTGGCGCACGTGGCGCACGTGGCAGAGAAAAGCACAACAAGAGAGC  3600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3541  CTGGGGCAGTGAGGGCGTGGCGCACGTGGCGCACGTGGCAGAGAAAAGCACAACAAGAGAGC  3600

Qy  3601  ACCCAGGACTGTCATATGGAAGAAGACACAGGACTCAACTCACCCTTCACAAAATGAGGA  3660
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3601  ACCCAGGACTGTCATATGGAAGAAGACACAGGACTCAACTCACCCTTCACAAAATGAGGA  3660

Qy  3661  CCAGACACAGCTGATGGTATGGAGTGTGATGCAGGTGTGTGGAGCCTCAACATCCTGCTCCC  3720
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3661  CCAGACACAGCTGATGGTATGGAGTGTGATGCAGGTGTGTGGAGCCTCAACATCCTGCTCCC  3720

Qy  3721  CTCCTACTACACATGGTTAAGGCCTGTTGCTCTGTCTCCAGGTTCACACTCTGCTGCACTA  3780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3721  CTCCTACTACACATGGTTAAGGCCTGTTGCTCTGTCTCCAGGTTCACACTCTGCTGCACTA  3780

Qy  3781  CCTCCTCATGGGTGCCTCAGAGCAGCAGGACCTTGGTCTTCCTTGTTGAAGCTTTGGGCTA  3840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3781  CCTCCTCATGGGTGCCTCAGAGCAGCAGGACCTTGGTCTTCCTTGTTGAAGCTTTGGGCTA  3840

Qy  3841  CGTGGATGACCAGCTGTTCGTGTTCTATGATCATGAGAGTCGCGCGTGTGGAGCCCGAAC  3900
          |||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3841  CGTGGATGACCAGCTGTTCGTGTTCTATGATGATGAGAGTCGCGCGTGTGGAGCCCGAAC  3900

Qy  3901  TCCATGGGTTTCCAGTAGAATTCAAGCCAGATGTGGCTCGCAGTGAGTCAGATCGAGTCGAA  3960
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3901  TCCATGGGTTTCCAGTAGAATTCAAGCCAGATGTGGCTCGCAGTGAGTCAGAGTCTGAA  3960

Qy  3961  AGGTGGGATCACCATGTTCACTGTTGGACTTCTGGACTATTATGGAAAATCACAACCACAG  4020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3961  AGGTGGGATCACCATGTTCACTGTTGGACTTCTGGACTATTATGGAAAATCACAACCACAG  4020

Qy  4021  CAAGGGTATGTGGAGAGGGGGGCCTCACCTTCCTGAGGTTGTCAGAGCTTTTCATCTTTTC  4080
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4021  CAAGGGTATGTGGAGAGGGGGGCCTCACCTTCCTGAGGTTGTCAGAGCTTTTCATCTTTTC  4080

Qy  4081  ATGCATCTTGAAGGAAACAGCTGAAGTTCACTGTTGGGCGAGTCTGTGGGACCGCAGGAGGGAG  4140
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4081  ATGCATCTTGAAGGAAACAGCTGAAGTTCACTGTTGGGCGAGTCTGTGGGACCGCAGGAGGGAG  4140

Qy  4141  GAATTTGCTTCCTGAGATCATTTGGTCTTGGGGATGGTGGAAATAGGGACCTATTCCTT  4200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4141  GAATTTGCTTCCTGAGATCATTTGGTCTTGGGGATGGTGGAAATAGGGACCTATTCCTT  4200

Qy  4201  TGGTTGCAGTTAACAAGGCTGGGGATTTTTCCAGAGTTGTCAGGTCATCCTG  4260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4201  TGGTTGCAGTTAACAAGGCTGGGGATTTTTCCAGAGTTGTCAGGTCATCCTG  4260

Qy  4261  GGCTGTGAAATGCAAGAGAAATCGCAAGAGAACACAGGTACGGGTATGTGATGGG  4320
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4261  GGCTGTGAAATGCAAGAGAAATCGCAAGAGAACACAGGTACGGGTATGTGATGGG  4320

Qy  4321  CAGGACCACCTTGAATTCTGCCCGACACACTGGATTGGAGCAGCAGAACCCAGGGCC  4380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4321  CAGGACCACCTTGAATTCTGCCCGACACACTGGATTGGAGCAGCAGAACCCAGGGCC  4380

Qy  4381  TGGCCCACCAGCTGGAGTGGGAAAGGCCCAGGACCTATTTC  4440
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4381  TGGCCCACCAGCTGGAGTGGGAAAGGGTATTTCCTTCCTCC  4440

Qy  4441  CTGGAGAGGAGGACTGCCCTGCAGCAGTTGCTGCGGAGCTGGGAGCTGGGGGAGGTGTTTG  4500
```

```
Db  4441  CTGGAGAGGAGGACTGCCCTGCAGCAGTTGCTGCGGAGCTGGGAGCTGGGGGAGGTGTTTG  4500

Qy  4501  GACCAACAAGGTATGTGGAAACACACTTCTGCCCCTATACTCTAGTGGCAGAGTGGAGG  4560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4501  GACCAACAAGGTATGTGGAAACACACTTCTGCCCCTATACTCTAGTGGCAGAGTGGAGG  4560

Qy  4561  AGGTTGCAGAGGCACGAGACGGAATCCCTGGTTGGAGTTCAGAGGTTGGCTGGAGGTGTGTGCCTC  4620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4561  AGGTTGCAGAGGCACGAGACGGAATCCCTGGTTGGAGTTCAGAGGTTGGCTGGAGGTGTGTCCTC  4620

Qy  4621  TCCAAATTCTGGGAAGGGACTTTCTCAATCCTCAGAGTCTCAATCCTTATAATTGAGATGTA  4680
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4621  TCCAAATTCTGGGAAGGGACTTTCTCAATCCTCAGAGTCTCAATCCTTATAATTGAGATGTA  4680

Qy  4681  TGAGACAGCCACAAGTCATGGGTTTAATTCTTTATTCTTTTCCCATGCATATGGCTCAAAGGGAA  4740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4681  TGAGACAGCCACAAGTCATGGGTTTAATTCTTTATTCTTTTCCCATGCATATGGCTCAAAGGGAA  4740

Qy  4741  GTGTCTATGGCCCTTGCTTTTTATTAACCAATAATCTTTGTATATTTATACCTGTTAA  4800
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4741  GTGTCTATGGCCCTTGCTTTTTATTAACCAATAATCTTTGTATATTTATACCTGTTAA  4800

Qy  4801  AAATTCAGAAATGCTCAAGGTGGTCACAAGTCAGGAGTTTGAGACCACAGCCTCAACACATGTGAA  4860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4801  AAATTCAGAAATGCTCAAGGTGGTCACAAGTCAGGAGTTTGAGACCACAGCCTCAACACATGTGAA  4860

Qy  4861  AGGCCGAGCGGGGTGGTCACAAGGTCAGGAGTTTGAGACCAGCCTGACCAACATGGTGAA  4920
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4861  AGGCCGAGCGGGGTGGTCACAAGGTCAGGAGTTTGAGACCAGCCTGACCAACATGGTGAA  4920

Qy  4921  ACCCGTCTCTAAAAAATACAAAAAATTAGCTGGTCATCGTGGCGCACCTGTAGTCCCA  4980
          |||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4921  ACCCGTCTCTAAAAAATACAAAAAATTAGCTGGTCATCGTGGCGCACCTGTAGTCCCA  4980

Qy  4981  GCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGAGCATCGCTTGAACCTGGGAGGCGGAAGTTGCACTGAA  5040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4981  GCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGAGCATCGCTTGAACCTGGGAGGCGGAAGTTGCACTGA  5040

Qy  5041  GCCAAGATCGCGCCACTGCACTCCAGCCTGGGCAACGAGAGTGAGACTCCATCTTAAAAAA  5100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5041  GCCAAGATCGCGCCACTGCACTCCAGCCTGGGCAACGAGAGTGAGACTCCATCTTAAAAAA  5100

Qy  5101  AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA  5160
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5101  AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA  5160

Qy  5161  ATATCAAGTGAGGCCACTTATCAGATAGAGAATCCTTAGGTTAAAAGTTTCTTTCAT  5220
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5161  ATATCAAGTGAGGCCACTTATCAGATAGAGAATCCTTAGGTTAAAAGTTTCTTTCAT  5220

Qy  5221  AGAACATAGCAATAATCACTGAAGCTACTACCTATATCCGCTTCTTATAACAAATGC  5280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5221  AGAACATAGCAATAATCACTGAAGCTACTACCTATATCCGCTTCTTATAACAAATGC  5280

Qy  5281  CTCCTAGGTTGACCCAGGTGAAACTGACCATCTGTATTCAATCATTTCAATGCACATAA  5340
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5281  CTCCTAGGTTGACCCAGGTGAAACTGACCATCTGTATTCAATCATTTCAATGCACATAA  5340

Qy  5341  AGGGCAATTTTATTCTATCAGAAACATGGTAACAGAATAATGGTAACAGAATATTTACATGTG  5400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5341  AGGGCAATTTTATTCTATCAGAAACATGGTAACAGAATAATGGTAACAGAATATTTACATGTG  5400

Qy  5401  AGGAGAACAAGCTGATCTGACTGCTCTCCAAGTGACACTGTGTTAGAGTGCCAATCTTAGG  5460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5401  AGGAGAACAAGCTGATCTGACTGCTCTCCAAGTGACACTGTGTTAGAGTGCCAATCTTAGG  5460

Qy  5461  ACACAAAAATGTGTCTCCTCAGCTTGTTTTTTCTGAAAAGGGTATTTCCTTCCTCC  5520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5461  ACACAAAAATGTGTCTCCTCAGCTTGTTTTTTCTGAAAAGGGTATTTCCTTCCTCC  5520

Qy  5521  AACCTATAGAAGGAAGTGAAAGTTGTCCAGTCTTCTGGCAAGGTAAACAGATCCCCTCTC  5580
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Mon Jul  9 10:09:31 2001                                                              us-09-497-957-3.rni
```

Left column:

```
Db   5521  AACCTATAGAAGGAAGTGAAAGTTCCAGTCTTCCTGGCAAGGGTAAACAGATCCCCTCTC  5580

Qy   5581  CTCATCCTTCCTCTTCCTTCCTGTCCAGTCAGTGCCTCCTTTGGTCAAGTGACACATCGTGACC  5640
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5581  CTCATCCTTCCTCTTCCTTCCTGTCCAGTCAGTGCCTCCTTTGGTCAAGTGACACATCGTGACC  5640

Qy   5641  TCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGGGCCTTGAAACTACTACCCCCAGAACATCACCATG  5700
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5641  TCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGGGCCTTGAAACTACTACCCCCAGAACATCACCATG  5700

Qy   5701  AAGTGGCTGAAGGATAAGCAGCCAATGGATGCCAAGGAGTTCGAACCTAAAGACGTATTG  5760
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5701  AAGTGGCTGAAGGATAAGCAGCCAATGGATGCCAAGGAGTTCGAACCTAAAGACGTATTG  5760

Qy   5761  CCCAATGGGGATGGGACCTACCAGGGTGGAGCACCCAGGCCCTCATTGTGATCTGG      5820
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5761  CCCAATGGGGATGGGACCTACCAGGGTGGAGCACCCAGGCCCTCATTGTGATCTGG      5820

Qy   5821  CAGAGATATACGTACCAGGTGGAGCCCAGGAGCCTGAGAAATCTATTGGGGGTTGAGGAGTGCC  5880
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5821  CAGAGATATACGTACCAGGTGGAGCCCAGGAGCCTGAGAAATCTATTGGGGGTTGAGGAGTGCC  5880

Qy   5881  GGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGCTGAGAAATCTATTGGGGGTTGAGAGAGTGCC    5940
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5881  GGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGCTGAGAAATCTATTGGGGGTTGAGAGAGTGCC    5940

Qy   5941  TGAGGGAGGTAATTATGGATGAGGATCTGCTCTTTGTTTGTCGTCTTTGTCATCTTGTTCATTGGAATTT  6000
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5941  TGAGGGAGGTAATTATGGATGAGGATCTGCTCTTTGTTTGTCGTCTTTGTCATCTTGTTCATTGGAATTT  6000

Qy   6001  GTGGCAATCAAAGGCTTTAACTGCTTTTTCTGTTTAGAGCCCTCACCGTCTGGCACCC     6060
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6001  GTGGCAATCAAAGGCTTTAACTGCTTTTTCTGTTTAGAGCCCTCACCGTCTGGCACCC     6060

Qy   6061  TAGTCATTGGAGTCATCAGTGGAATTCATTTATATTCTTTTGTCGTGTTTTGTCGTCTTGTTCATTGGAATT  6120
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6061  TAGTCATTGGAGTCATCAGTGGAATTCATTTATATTCTTTTGTCGTGTTTTGTCGTCTTGTTCATTGGAATT  6120

Qy   6121  TGTTTCATAATATTAAGGAAGAGGCAGGGTTCAAGTGAGTAGGAACAAGGGGGAGTCTCT  6180
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6121  TGTTTCATAATATTAAGGAAGAGGCAGGGTTCAAGTGAGTAGGAACAAGGGGGAGTCTCT  6180

Qy   6181  TAGTACCTCTGCCCCAGGGCACAGTGGGAAGGGCAGAGGGGATCTGGCATCCATGGG     6240
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6181  TAGTACCTCTGCCCCAGGGCACAGTGGGAAGGGCAGAGGGGATCTGGCATCCATGGG     6240

Qy   6241  AAGCATTTTCTCATTTATATTCTTTGGGGACACCAGCAGCTCCCTGGGACACAGAAAAT  6300
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6241  AAGCATTTTCTCATTTATATTCTTTGGGGACACCAGCAGCTCCCTGGGACACAGAAAAT  6300

Qy   6301  AATGGTTCTCCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCAACAAACATCTTCAGAGCCACCTACTAT  6360
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6301  AATGGTTCTCCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCAACAAACATCTTCAGAGCCACCTACTAT  6360

Qy   6361  TTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTAGTACAGGGGCTTTGAGGTTGAGAAGTCACTGTGGCTAT  6420
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6361  TTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTAGTACAGGGGCTTTGAGGTTGAGAAGTCACTGTGGCTAT  6420

Qy   6421  TCTCAGAACCCAAATCTGGTAGGGAATGAAATTGATGATAGCCAAGTAAATGTAGTTAAAGAAG  6480
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6421  TCTCAGAACCCAAATCTGGTAGGGAATGAAATTGATGATAGCCAAGTAAATGTAGTTAAAGAAG  6480

Qy   6481  ACCCATGAGAGGTCCTAAAGCAGGCGCAGGCAGCAGGCAGGAAGCAGAAAGAAATG     6540
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6481  ACCCCATGAGAGGTCCTAAAGCAGGCGCAGGCAGCAGGCAGGAAGCAGAAAGAAATG     6540

Qy   6541  ATCACATTCAGCTGGGGATCAAGATAGCCTTCTGGATCTGGATCTGGATGACACAGAGGATTCCA  6600
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6541  ATCACATTCAGCTGGGGATCAAGATAGCCTTCTGGATCTGGATCTGGATGACACAGAGGATTCCA  6600

Qy   6601  TTAGGTGCAGGTTGAAGATGGAGGTTGAAGATGTGGAGGTCTACACAGACGGAGCAACCATGCCAAGTAGGA  6660
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6601  TTAGGTGCAGGTTGAAGATGGAGGTTGAAGATGTGGAGGTCTACACAGACGGAGCAACCATGCCAAGTAGGA  6660
```

Right column:

```
Qy   6661  GAGTATAAGGCATACTGGGAGATTAGAAATAATTACTGTACCTTAACCCTGAGTTTGCGT  6720
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6661  GAGTATAAGGCATACTGGGAGATTAGAAATAATTACTGTACCTTAACCCTGAGTTTGCGT  6720

Qy   6721  AGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCTACCCCCTGAACATCTGTGGTGTAGGGAAAAGA  6780
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6721  AGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCTACCCCCTGAACATCTGTGGTGTAGGGAAAAGA  6780

Qy   6781  GAATCAGAAAGAAGCCAGCTCATACAGAGTCCAAGGGTCTTTGGGATATTGGGTTATGA  6840
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6781  GAATCAGAAAGAAGCCAGCTCATACAGAGTCCAAGGGTCTTTGGGATATTGGGTTATGA  6840

Qy   6841  TCACTGGGTGTCATTGAAGGATCCTAAGAAAGGAGGACCACGATCTCCCTTATATGGTG  6900
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6841  TCACTGGGTGTCATTGAAGGATCCTAAGAAAGGAGGACCACGATCTCCCTTATATGGTG  6900

Qy   6901  AATGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGGTGAGGAGGAGCCAGTTAGAAAGCCAATAAGCAT  6960
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6901  AATGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGGTGAGGAGGAGCCAGTTAGAAAGCCAATAAGCAT  6960

Qy   6961  TTCCAGATGAGAGATAATGGTTCTTGAAAATCCAATAGTGCCCAGGTCTAAATTGAGATGG  7020
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6961  TTCCAGATGAGAGATAATGGTTCTTGAAAATCCAATAGTGCCCAGGTCTAAATTGAGATGG  7020

Qy   7021  GTGAATGAGGAAAATAAGGAAGAGAGAGCAGGCAAGAGTGCCTAGGTTTGTGATGCCT  7080
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7021  GTGAATGAGGAAAATAAGGAAGAGAGAGCAGGCAAGAGTGCCTAGGTTTGTGATGCCT  7080

Qy   7081  CTTTCCTGGTCTCTTGTCTCCACAGGAGGAGGCCCTCTAGCTGAACG             7140
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7081  CTTTCCTGGTCTCTTGTCTCCACAGGAGGAGGCCCTCTAGCTGAACG             7140

Qy   7141  TGAGTGACACGCAGCCTGCAGACTCACTGTGGAAGGAGACAAAACTAGAGACTCAAAGA  7200
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7141  TGAGTGACACGCAGCCTGCAGACTCACTGTGGAAGGAGACAAAACTAGAGACTCAAAGA  7200

Qy   7201  GGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCATGTTCAGGAGAGAGTTGAACCTAAACATAGAAATT  7260
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7201  GGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCATGTTCAGGAGAGAGTTGAACCTAAACATAGAAATT  7260

Qy   7261  GCCTGACGAACTCCTGATTTTAGCCTTCATTTCATTTTGAAGGAGGACTCCTAAATTGGGGGA  7320
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7261  GCCTGACGAACTCCTGATTTTAGCCTTCATTTCATTTTGAAGGAGGACTCCTAAATTGGGGGA  7320

Qy   7321  TTAGGTTCTGAGTTCCTGCATGCCGGTGATCCCGGTGTGACCCTCTCCCCTGGAACTG  7380
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7321  TTAGGTTCTGAGTTCCTGCATGCCGGTGATCCCGGTGTGACCCTCTCCCCTGGAACTG  7380

Qy   7381  TCTCCTCATGAACCTCAAGCTGCATCTGAAAGCTTCCTT CATTTCTGGAAGAGGACTTTGAACCTTGAAGAATT  7440
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7381  TCTCTCATGAACCTCAAGCTGCATCTGAAAGCTTCCTT CATTTCTGGAAGAGGACTTTGAACCTTGAAGAATT  7440

Qy   7441  ACATACACCTATGTCATTTCATTTCATTTTGTCATTTTACACATGTACCAGTAACTCATCGTCTAC  7500
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7441  ACATACACCTATGTCATTTCATTTCATTTTTGTCATTTTACACATGTACCAGTAACTCATCGTCTAC  7500

Qy   7501  CTTACATGATTCATTTAACATCTGAGAAAAGCTTTGAACCCTGGACGTGGGCAGTAGTCAT  7560
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7501  CTTACATGATTCATTTAACATCTGAGAAAAGCTTTGAACCCTGGACGTGGGCAGTAGTCAT  7560

Qy   7561  AACCTTACCAGATTTTTACCACATGTATCATATGTTCTGGAGGACTTTCCCATTTTCCT  7620
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7561  AACCTTACCAGATTTTTACCACATGTATCATATGTTCTGGAGGACTTTCCCATTTTCCT  7620

Qy   7621  TTGAATCCTCTCTCTGTGTTACCCAGTAACTCATCGTCTAGGGATTCTTC            7680
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7621  TTGAATCCTCTCTCTGTGTTACCCAGTAACTCATCGTCTAGGGATTCTTC            7680

Qy   7681  CATCTGATTGATGTGATGAGTTGCACACTGCACAGCGAATGGAAGTGGAAGAG         7740
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7681  CATCTGATTGATGTGATGAGTTGCACACTGCACAGCGAATGGAAGTGGAAGAG         7740
```

```
Qy   7741  GCACCTGCTCCCAGAAAAGCATCATGCTATCTGTGGGTAGTATGATGGGTGTTTTTAGC  7800
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7741  GCACCTGCTCCCAGAAAAGCATCATGCTATCTGTGGGTAGTATGATGGGTGTTTTTAGC  7800

Qy   7801  AGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGTTGTTGAAGAGGTTGTTTTTCTAATTGGCATGA  7860
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7801  AGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGTTGTTGAAGAGGTTGTTTTTCTAATTGGCATGA  7860

Qy   7861  AGTGTGCATACAGATTTGCAAAGTTTAATGTGCCTTCATTTGGGATGCTACTCTAGTAT  7920
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7861  AGTGTGCATACAGATTTGCAAAGTTTAATGTGCCTTCATTTGGGATGCTACTCTAGTAT  7920

Qy   7921  TCCAGACCTGAAGAATCACAATAATTTTCTACCTGGTCTCCTTGCTGTCTTGCTGATAATGAAA  7980
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7921  TCCAGACCTGAAGAATCACAATAATTTTCTACCTGGTCTCCTTGCTGTCTTGCTGATAATGAAA  7980

Qy   7981  ATTATGATAAGGATGATAAAAGCACTTACTTCGTGTTCCGACTCTTCTGAGCACCTACTTA  8040
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7981  ATTATGATAAGGATGATAAAAGCACTTACTTCGTGTTCCGACTCTTCTGAGCACCTACTTA  8040

Qy   8041  CATGCAATACTGCATGCAGTTCTTACATAATATCTATGAGATAGGTACTATTATCCCCAT  8100
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8041  CATGCAATACTGCATGCAGTTCTTACATAATATCTATGAGATAGGTACTATTATCCCCAT  8100

Qy   8101  TTCTTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGTAGGCCGGCACGGTGGCTCACGCCTGTAATCCC  8160
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8101  TTCTTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGTAGGCCGGCACGGTGGCTCACGCCTGTAATCCC  8160

Qy   8161  AGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGGTGGATCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCCTGGC  8220
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8161  AGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGGTGGATCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCCTGGC  8220

Qy   8221  TAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAATTAGCTGGGCATGGTGGCGCAG  8280
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8221  TAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAATTAGCTGGGCATGGTGGCGCAG  8280

Qy   8281  ACGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGGAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCATGAACCCAGGAGG  8340
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8281  ACGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGGAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCATGAACCCAGGAGG  8340

Qy   8341  CAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTTGCGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGACAGAGTGAGA  8400
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8341  CAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTTGCGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGACAGAGTGAGA  8400

Qy   8401  CTCCATCTCAAAAAATAAAAATAAAAATAAAAATAAAAGAAAGTGAAGTA  8460
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8401  CTCCATCTCAAAAAATAAAAATAAAAATAAAAATAAAAGAAAGTGAAGTA  8460

Qy   8461  TAGAGTATCTCATAGTTTGTCAGTGAGAAACAGTTTCAAACTCAATCTGACCG  8520
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8461  TAGAGTATCTCATAGTTTGTCAGTGAGAAACAGTTTCAAACTCAATCTGACCG  8520

Qy   8521  GGAAGGAGATGGCTCTTCTCTGTCTCTGTCTCATTGTGTTCTTCTGAGCTTGAATCACAT  8580
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8521  GGAAGGAGATGGCTCTTCTCTGTCTCTGTCTCATTGTGTTCTTCTGAGCTTGAATCACAT  8580

Qy   8581  GAAGGGGAACAGCAGAAAACAACCAGCAAAACAACCAACTGATCCCTCAGCTGTCATGTTTCCTTTAAAGTC  8640
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8581  GAAGGGGAACAGCAGAAAACAACCAGCAAAACAACCAACTGATCCCTCAGCTGTCATGTTTCCTTTAAAGTC  8640

Qy   8641  CCTGAAGGAAGTCCTGGAATGCTGACTCCCTTGCTCTCTTTTGGCATTCA  8700
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8641  CCTGAAGGAAGTCCTGGAATGCTGACTCCCTTGCTCTCTTTTGGCATTCA  8700

Qy   8701  TTTCTTTGGACCCTACGCAAGGACTGTAATTGGCTGGGGGACAGCTAGTGCCCGTGCTGGGC  8760
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8701  TTTCTTTGGACCCTACGCAAGGACTGTAATTGGCTGGGGGACAGCTAGTGCCCGTGCTGGGC  8760

Qy   8761  TTCACACGGTGTCCTCCCTAGGCCAGTGCCTCTGGAGTCAGAACTCTGGTGGTATTTC  8880
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8821  TTCACACGGTGTCCTCCCTAGGCCAGTGCCTCTGGAGTCAGAACTCTGGTGGTATTTC  8880

Qy   8881  CCTCAATGAAGTGGATGTAAGCTCTCCATTTTGAGATGGTATAATGGCACCAAGTG  8940
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8881  CCTCAATGAAGTGGATGTAAGCTCTCCATTTTGAGATGGTATAATGGCACCAAGTG  8940

Qy   8941  GCTTAGAGGATGCCCAGGTCCTTCCATGGAGCCACTGGGGTTCCGGTGCACATTAAAAAA  9000
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8941  GCTTAGAGGATGCCCAGGTCCTTCCATGGAGCCACTGGGGTTCCGGTGCACATTAAAAAA  9000

Qy   9001  AAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCTAGATTCTGGAAATCAGTTCACCATGTTCA  9060
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9001  AAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCTAGATTCTGGAAATCAGTTCACCATGTTCA  9060

Qy   9061  AAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTTTGAGACTCTATTGCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCATGAT  9120
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9061  AAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTTTGAGACTCTATTGCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCATGAT  9120

Qy   9121  CTCGGCTCACTGTAACCTCTGCCTCCCAGGTTCAAGCGATTCTCCTGCCTCAGCCTCCCA  9180
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9121  CTCGGCTCACTGTAACCTCTGCCTCCCAGGTTCAAGCGATTCTCCTGCCTCAGCCTCCCA  9180

Qy   9181  AGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCATGCCCGGCTAATTTTGTATTTTTAGTAGA  9240
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9181  AGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCATGCCCGGCTAATTTTGTATTTTTAGTAGA  9240

Qy   9241  GACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCCTCGATCCGCC  9300
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9241  GACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCCTCGTGATCCGCC  9300

Qy   9301  TGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGCGTGAGCCACCGCCCAGCCGTCAAA  9360
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9301  TGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGCGTGAGCCACCGCCCAGCCGTCAAA  9360

Qy   9361  AGAGTCTTAATATATATATCCAGATGGCATGTGTCTCGTTCTTGAAGGGCAGGTGCTTCAGGATACCATAT  9420
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9361  AGAGTCTTAATATATATATCCAGATGGCATGTGTCTCGTTCTTGAAGGGCAGGTGCTTCAGGATACCATAT  9420

Qy   9421  GCTGCATAAATGTGTACAAGCATTCTGTCTTGTCTTGAAGATATCTCATCTCTCTT  9480
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9421  GCTGCATAAATGTGTACAAGCATTCTGTCTTGTCTTGAAGATATCTCATCTCTCTT  9480

Qy   9481  ACAGCTCAGAAGTTTCTTCTTAGGCATTAAAATTTAGCCAAAGATAATTTAGCAAAGAAAGTGAAGTA  9540
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9481  ACAGCTCAGAAGTTTCTTCTTAGGCATTAAAATTTAGCCAAAGATAATTTAGCAAAGAAAGTGAAGTA  9540

Qy   9541  TTAAACCATTTCTTTTTTTTTTTTTTTTGTGGTTAGAAAAAGTATGTGAGAAAAAGTAAATGTGATTT  9600
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9541  TTAAACCATTTCTTTTTTTTTTTTTTTTGTGGTTAGAAAAAGTATGTGAGAAAAAGTAAATGTGATTT  9600

Qy   9601  ACGCTCATTGTAGAAAATGAATAAATGAATAACAATTAAAGCTGTTATTTAATTAGCCAG  9660
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9601  ACGCTCATTGTAGAAAATGAATAAATGAATAACAATTAAAGCTGTTATTTAATTAGCCAG  9660

Qy   9661  TGAAAAACATTAACAACTGTCTATTACCTGTTAGTAGTAATTGTTGCATTAAAAATGCA  9720
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9661  TGAAAAACATTAACAACTGTCTATTACCTGTTAGTAGTAATTGTTGCATTAAAAATGCA  9720

Qy   9721  TATACTTTAATAAATGTAATATTGTATTGCTATGTATACTGCATGATTTATTGAAGTCTTGTTC  9780
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9721  TATACTTTAATAAATGTAATATTGTATTGCTATGTATACTGCATGATTTATTGAAGTCTTGTTC  9780

Qy   9781  ATCTTGTATATACTTAATCGCTTGTCATTTTGGAGACATTTATTTGCTTCTAATTT  9840
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9781  ATCTTGTATATACTTAATCGCTTGTCATTTTGGAGACATTTATTTGCTTCTAATTT  9840

Qy   9841  CTTTACATTTTGTCTTACGGAATATTTCATTCAACTGTGGTAGCCGAATTAATCGTGTT  9900
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9841  CTTTACATTTTGTCTTACGGAATATTTCATTCAACTGTGGTAGCCGAATTAATCGTGTT  9900

Qy   9901  TCTTCACTCTAGGGACATTGTCGTCTAAGTTGTAAGACATTGGTTATTTTACCAGCAAAC  9960
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

APPLICANT: Tsuchihashi, Zenta
APPLICANT: Wolff, Roger K.
TITLE OF INVENTION: Megabase Transcript Map: NO. 5872237e1
TITLE OF INVENTION: Sequences and Antibodies Thereto
NUMBER OF SEQUENCES: 31
CORRESPONDENCE ADDRESS:
ADDRESSEE: TOWNSEND and TOWNSEND and CREW LLP
STREET: Two Embarcadero Center, 8th Floor
CITY: San Francisco
STATE: CA
COUNTRY: USA
ZIP: 94111-3834
COMPUTER READABLE FORM:
MEDIUM TYPE: Floppy disk
COMPUTER: IBM PC compatible
OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.30
CURRENT APPLICATION DATA:
APPLICATION NUMBER: US/08/724,394A
FILING DATE: 01-OCT-1996
CLASSIFICATION: 536
ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
NAME: Fitts, Renee A.
REGISTRATION NUMBER: 35,136
REFERENCE/DOCKET NUMBER: 017957-000100
TELECOMMUNICATION INFORMATION:
TELEPHONE: 415-576-0200
TELEFAX: 415-576-0300
INFORMATION FOR SEQ ID NO: 20:
SEQUENCE CHARACTERISTICS:
LENGTH: 246240 base pairs
TYPE: nucleic acid
STRANDEDNESS: not relevant
TOPOLOGY: not relevant
MOLECULE TYPE: cDNA
FEATURE:
NAME/KEY: misc_feature
LOCATION: 1..246240
OTHER INFORMATION: /note= "HLA-H.CONTIG"
US-08-724-394A-20

Query Match   100.0%;   Score 10823.4;   DB 2;   Length 246240;
Best Local Similarity 100.0%;   Pred. No. 0;
Matches 10824; Mismatches 0; Conservative 0; Indels 0; Gaps 0;

Qy   1 TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTTAAATGTATGATTGAAATTTGAAAATCATAAATATTTA 60
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 192304 TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTTAAATGTATGATTGAAATTTGAAAATCATAAATATTTA 192363

Qy   61 AATATCTAAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTTCCCAATCAACACACCCCT 120
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 192364 AATATCTAAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTTCCCAATCAACACACCCCT 192423

Qy   121 TCAGGATTAAAACCAAGGGGCAACTGATCACCTAGTGTTTCACAAGCCAGGTACCTT 180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 192424 TCAGGATTAAAACCAAGGGGCAACTGATCACCTAGTGTTTCACAAGCCAGGTACCTT 192483

Qy   181 CTGCTGTGAGGAGGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTGCTTTTCACCAGGAAGTT 240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 192484 CTGCTGTGAGGAGGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTGCTTTTCACCAGGAAGTT 192543

Qy   241 TTACTGGCCATCTCCTGAGCCTAGCCAATAGCTGTAGGGTGACTTCTGGAGCCATCCCCG 300
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 192544 TTACTGGCCATCTCCTGAGCCTAGCCAATAGCTGTAGGGTGACTTCTGGAGCCATCCCCG 192603

Qy   301 TTTCCCCGCCCCCCAAAGAGAGCGGAGATTTAACGGGACGTGCGGCCCAGAGCTGCGGGAA 360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 192604 TTTCCCCGCCCCCCAAAGAGAGCGGAGATTTAACGGGACGTGCGGCCCAGAGCTGCGGGAA 192663

Qy   361 ATGGGCCCGCCGAGCCAGGCCGCGCGCTTTCTCCCTCCTGATGCGTTTTGCGAGACCGGCCTG 420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 192664 ATGGGCCCGCCGAGCCAGGCCGCGCGCTTTCTCCCTCCTGATGCGTTTTGCGAGACCGGCCTG 192723

Db   9901 TCTTCACTCTAGGGACACATTGTCGTCTAAGTTGTGAAGACATTGGTTATTTTACCAGCAAAC 9960

Qy   9961 CATTCTGAAAGCATATGACAAAAATTATTTCTCTCTTAAATATCTTACTACTATACTGAAAGCAGA 10020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9961 CATTCTGAAAGCATATGACAAAAATTATTTCTCTCTTAAATATCTTACTACTATACTGAAAGCAGA 10020

Qy   10021 CTGCTATAAGGCTTCACTTACTCTTCTCACCTCATAAGGAATATGTTACAATTAATTTATT 10080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10021 CTGCTATAAGGCTTCACTTACTCTTCTCACCTCATAAGGAATATGTTACAATTAATTTATT 10080

Qy   10081 AGGTAAGCATTTGTTTTTATATTGGTTTTATTTCACCTGGGCTGAGATTTCAAGAAAACACC 10140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10081 AGGTAAGCATTTGTTTTTATATTGGTTTTATTTCACCTGGGCTGAGATTTCAAGAAAACACC 10140

Qy   10141 CCAGTCTTCACAGTAACACATTTCACTAACACATTTACTAAAATCAGCAACTCTGGCCT 10200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10141 CCAGTCTTCACAGTAACACATTTCACTAACACATTTACTAAAATCAGCAACTCTGGCCT 10200

Qy   10201 GTTAATTTTTTAATAGAAATTTAAGTCCTCATTTCTTCGGTGTTTTTTAAGCTTAA 10260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10201 GTTAATTTTTTAATAGAAATTTAAGTCCTCATTTCTTCGGTGTTTTTTAAGCTTAA 10260

Qy   10261 TTTTTCTGGCTTTATTCATAAATTCTTAAGTCAACTACATTTGAAAAATCAAAGACCTG 10320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10261 TTTTTCTGGCTTTATTCATAAATTCTTAAGTCAACTACATTTGAAAAATCAAAGACCTG 10320

Qy   10321 CATTTTAAAATTCTTATTCACCTCTGCCAAAACCATTCACAAACCATTGGTAGTAAAGAGAA 10380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10321 CATTTTAAAATTCTTATTCACCTCTGCCAAAACCATTCACAAACCATTGGTAGTAAAGAGAA 10380

Qy   10381 GGGTGACACCTGGTGTGGCCATAGGTAAATGTACCACGGTGGTCCGGTGACCAGAGATGCAG 10440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10381 GGGTGACACCTGGTGTGGCCATAGGTAAATGTACCACGGTGGTCCGGTGACCAGAGATGCAG 10440

Qy   10441 CGCTGAGGGTTTTCCTGAAGGTAAAGGAATAAAGAATGGGTGGAGGGCGTGCACTGGAA 10500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10441 CGCTGAGGGTTTTCCTGAAGGTAAAGGAATAAAGAATGGGTGGAGGGCGTGCACTGGAA 10500

Qy   10501 ATCACTTGTAGAGAAAAGCCCCTGAAAATTTGAGAAAACAAACAAACAGAAAACTACTTACCAG 10560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10501 ATCACTTGTAGAGAAAAGCCCCTGAAAATTTGAGAAAACAAACAAACAGAAAACTACTTACCAG 10560

Qy   10561 CTATTTGAATTGCTGGAATCACAGGCCATTGCTGAGCTGCCTGAGCTGCCTGAACTGGGAACCACAACAG 10620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10561 CTATTTGAATTGCTGGAATCACAGGCCATTGCTGAGCTGCCTGAGCTGCCTGAACTGGGAACCACAACAG 10620

Qy   10621 AAGGAAAACAAACCACTCAGTACAATCATTGAGTACAGCAGGTCAAGTACAGCAGGACTGC 10680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10621 AAGGAAAACAAACCACTCAGTACAATCATTGAGTACAGCAGGTCAAGTACAGCAGGACTGC 10680

Qy   10681 TGAGAGGTACAGGCCAAAATCTTATGTGTATTATAATAATGTCATCTTATAATACTGT 10740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10681 TGAGAGGTACAGGCCAAAATCTTATGTGTATTATAATAATGTCATCTTATAATACTGT 10740

Qy   10741 CAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTCACACACATTTAAAAACAAAACACTGTCTC 10800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10741 CAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTCACACACATTTAAAAACAAAACACTGTCTC 10800

Qy   10801 TAAAATCCCCAAATTTTTCATTAAAC 10825
          ||||||||||||||||||||||
Db   10801 TAAAATCCCCAAATTTTTCATTAAAC 10825

RESULT 10
US-08-724-394A-20
; Sequence 20, Application US/08724394A
; Patent No. 5872237
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Feder, John N.
; APPLICANT: Kronmal, Gregory S.
; APPLICANT: Lauer, Peter M.
; APPLICANT: Ruddy, David A.
; APPLICANT: Thomas, Winston

Left column:

```
Qy      421 CAGGGGGCCTTGCTGCCGTGAGCCGAGGGCGTGCGGCGAACTAGGGGCGCGCGGGGGTG 480
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   192724 CAGGGGGCCTTGCTGCCGTGAGCCGAGGGCGTGCGGCGAACTAGGGGCGCGCGGGGGTG 192783

Qy      481 GAAAAATCGAAACTAGCTTTTCTTTGCGCTTGGGAGTTTGCTAACTTTGGAGGACCTGC 540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   192784 GAAAAATCGAAACTAGCTTTTCTTTGCGCTTGGGAGTTTGCTAACTTTGGAGGACCTGC 192843

Qy      541 TCAACCCTATCCGCAAGCCCCTCTCCACTTCTCGCCCAGGACCCCGTGAGGGAGTGC 600
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   192844 TCAACCCTATCCGCAAGCCCCTCTCCACTTCTCGCCCAGGACCCCGTGAGGGAGTGC 192903

Qy      601 CTACCACTGAACTGCGAGATAGGGGTCCCTGCGCCCCAGGACCTGCCCCTCCCCGGCTGT 660
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   192904 CTACCACTGAACTGCGAGATAGGGGTCCCTGCGCCCCAGGACCTGCCCCTCCCCGGCTGT 192963

Qy      661 CCCGGCTCTGCGGAGTGACTTTGGAACCGCCCACTCCCTTCCCCAACTAGAATGCTTT 720
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   192964 CCCGGCTCTGCGGAGTGACTTTGGAACCGCCCACTCCCTTCCCCAACTAGAATGCTTT 193023

Qy      721 TAAATAAATCTCGTAGTTCCTCACTTGAGCTGAGCCTAAGCCTGGGCTCCTTGAACCTGG 780
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   193024 TAAATAAATCTCGTAGTTCCTCACTTGAGCTGAGCCTAAGCCTGGGCTCCTTGAACCTGG 193083

Qy      781 AACTCGGTTTATTTCCAATGTCAGCTGTCAGTTTTTCCCAGTCATCTCCAAACAGG 840
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   193084 AACTCGGTTTATTTCCAATGTCAGCTGTCAGTTTTTCCCAGTCATCTCCAAACAGG 193143

Qy      841 AAGTTCTTCCCTGAGTGCTTGCCGAGAAGGCTGAGCAAGCCACAGCAGGATCCCGCACGG 900
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   193144 AAGTTCTTCCCTGAGTGCTTGCCGAGAAGGCTGAGCAAGCCACAGCAGGATCCCGCACGG 193203

Qy      901 GGTTCCACCTCAGAACGAATGCGTTGGGCGGCCGCGAAAGAGTGGCGTTGGGGA 960
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   193204 GGTTCCACCTCAGAACGAATGCGTTGGGCGGCCGCGAAAGAGTGGCGTTGGGGA 193263

Qy      961 TCTGAATTCTTCACCATTCCACCCACTTTTGGTGAGACCTGGGGTGGAGGTCTCTAGGGT 1020
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   193264 TCTGAATTCTTCACCATTCCACCCACTTTTGGTGAGACCTGGGGTGGAGGTCTCTAGGGT 193323

Qy     1021 GGGAGGCTCCTGAGAGAGGCCTACCTCGGGGCCTTCCCCACTCTTGGCAATTGTTCTTTT 1080
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   193324 GGGAGGCTCCTGAGAGAGGCCTACCTCGGGGCCTTCCCCACTCTTGGCAATTGTTCTTTT 193383

Qy     1081 GCCTGGAAAATTAAGTATATGTTAGTTGTTGAACGTTTGAACAATTCTCTTTTTCGG 1140
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   193384 GCCTGGAAAATTAAGTATATGTTAGTTGTTGAACGTTTGAACAATTCTCTTTTTCCG 193443

Qy     1141 CTAGGCTTTATTGATTTGCAATGTGCTGTGTAATTAAGAGGCCTCTACAAAGTACTGA 1200
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   193444 CTAGGCTTTATTGATTTGCAATGTGCTGTGTAATTAAGAGGCCCTCTACAAAGTACTGA 193503

Qy     1201 TAATGAACATGTAAGCAATGCACTCACTTACTTCTAAGTTACATTCATATCTGATCTTATTTGA 1260
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   193504 TAATGAACATGTAAGCAATGCACTCACTTACTTCTAAGTTACATTCATATCTGATCTTATTTGA 193563

Qy     1261 TTTTCACTAGGCATAGGAGGTAGGAGGTAGGAGCTAGGAGTTTATTTTACTAGAAGTTAACT 1320
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   193564 TTTTCACTAGGCATAGGAGGTAGGAGGTAGGAGCTAGGAGTTTATTTTACTAGAAGTTAACT 193623

Qy     1321 GGAATTCAGATTATATAACTCTTTTCAGTTACAAAGAACATAAATAATCTGGTTTTCTG 1380
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   193624 GGAATTCAGATTATATAACTCTTTTCAGTTACAAAGAACATAAATAATCTGGTTTTCTG 193683

Qy     1381 ATGTTATTTCAAGTAACTACCAGCTGCTTCTCAATCTTAGTTGACAGTGATTTTGCCCGTAG 1440
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   193684 ATGTTATTTCAAGTAACTACCAGCTGCTTCTCAATCTTAGTTGACAGTGATTTTGCCCGTAG 193743

Qy     1441 TGTAGCACAGTGTTCTGTGGGTCACACGCCGGCTCAGCACCGCCCAGCCACTTTGAGTTTGGTA 1500
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   193744 TGTAGCACAGTGTTCTGTGGGTCACACGCCGGCTCAGCACCGCCCAGCCACTTTGAGTTTGGTA 193803
```

Right column:

```
Qy     1501 CTACGTGTATCCACATTTACACATGACAAGAATGAGGCATGATGAGGCACGCGGCCTGCTTCCTGG 1560
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   193804 CTACGTGTATCCACATTTACACATGACAAGAATGAGGCATGATGAGGCACGCGGCCTGCTTCCTGG 193863

Qy     1561 CAAATTTATTCAATGGTACACTGGGCTTTGGTGGCAGAGCTCATGTCTCCACTTCATAGC 1620
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   193864 CAAATTTATTCAATGGTACACTGGGCTTTGGTGGCAGAGCTCATGTCTCCACTTCATAGC 193923

Qy     1621 TATGATTCTTAAACATCACACTGCATTAGAGGTTGAATAATAAAATTCATGTTGAGCAG 1680
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   193924 TATGATTCTTAAACATCACACTGCATTAGAGGTTGAATAATAAAATTCATGTTGAGCAG 193983

Qy     1681 AAATATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGCCAGCCACGTGTTGCACTGTTGTTCAAGCCC 1740
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   193984 AAATATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGCCAGCCACGTGTTGCACTGTTGTTCAAGCCC 194043

Qy     1741 CAAGGGAGAGCAGGGAAACAAGTCTTTACCCTTTGATATTTTGCATTCTAGTGGGGAGA 1800
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   194044 CAAGGGAGAGCAGGGAAACAAGTCTTTACCCTTTGATATTTTGCATTCTAGTGGGGAGA 194103

Qy     1801 GATGACAATAAGCAAATGAGCAGAAAGATATACAACATCAGGAAATCATGGGTGTTGTGA 1860
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   194104 GATGACAATAAGCAAATGAGCAGAAAGATATACAACATCAGGAAATCATGGGTGTTGTGA 194163

Qy     1861 GAAGCAGAGAGTCAGGGCAAGTCACTCTGGGCTGACACTTGAGCAGACAGACATGAAGGA 1920
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   194164 GAAGCAGAGAGTCAGGGCAAGTCACTCTGGGCTGACACTTGAGCAGACAGACATGAAGGA 194223

Qy     1921 AATAAGAATGATATTGACTGGAGCAGTATTTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCCTGGCAAG 1980
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   194224 AATAAGAATGATATTGACTGGAGCAGTATTTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCCTGGCAAG 194283

Qy     1981 TTGGATTAAAAAGCGGGTTTCTCAGCACTACTGAGGAGCACTGTGTGTGTGTGGTGTTGTGA 2040
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   194284 TTGGATTAAAAAGCGGGTTTCTCAGCACTACTGAGGAGCACTGTGTGTGTGTGGTGTTGTGA 194343

Qy     2041 CGGGCTGGGGTGGGAAGGGGTGGGAAGTCTCGATGTAGGATCTCAGTATCCTGT 2100
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   194344 CGGGCTGGGGTGGGAAGGGGTGGGAAGTCTCGATGTAGGATCTCAGTATCCTGT 194403

Qy     2101 CCTCCCACTCACTAGGTGCTAGGAGCACTCCCCCAGTCTTGCAACCCAAAAATGTCTCT 2160
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   194404 CCTCCCACTCACTAGGTGCTAGGAGCACTCCCCCAGTCTTGCAACCCAAAAATGTCTCT 194463

Qy     2161 AAACTTTGCCACATGCTCACCTAGTAGACAAACTCCTGGTTAAGAGCTCGGGTTGAAAAA 2220
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   194464 AAACTTTGCCACATGCTCACCTAGTAGACAAACTCCTGGTTAAGAGCTCGGGTTGAAAAA 194523

Qy     2221 AATAAACAAGTAGTGCTGGGGAGTAGGAGGCCAAGAAGTAGGTAATGGGCTCAGAAGAGGA 2280
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   194524 AATAAACAAGTAGTGCTGGGGAGTAGGAGGCCAAGAAGTAGGTAATGGGCTCAGAAGAGGA 194583

Qy     2281 GCCACAAACAAGGTTGTGCAGGCTTTGCAGGCTTTAGCCAAGGAGTA 2340
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   194584 GCCACAAACAAGGTTGTGCAGGCTTTGCAGGCTTTAGCCAAGGAGTA 194643

Qy     2341 ACAGTGATCTGTGCTGGTGGGCTGGCTGTGTTACACAGTCACCATTGTCTCCGTAATG 2400
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   194644 ACAGTGATCTGTGCTGGTGGGCTGGCTGTGTTACACAGTCACCATTGTCTCCGTAATG 194703

Qy     2401 AAGGGAGCAACAGTAAAAGCAGGGAACAGAGAAAAGGGAACGACAAAACCCAGGCAAG 2460
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   194704 AAGGGAGCAACAGTAAAAGCAGGGAACAGAGAAAAGGGAACGACAAAACCCAGGCAAG 194763

Qy     2461 AGGTAGTGGAGTGGGCTGGGTGGGTGGGAACAGAAAAAGGGAGTGACAAAACCATTGTCTCCTGAA 2520
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   194764 AGGTAGTGGAGTGGGCTGGGTGGGTGGGAACAGAAAAAGGGAGTGACAAAACCATTGTCTCCTGAA 194823

Qy     2521 TATATTCTGAAGGAAGTTGCTGAAGGATTCTATGTTGTGTGAAGAAGAGAAGAAGAATTGG 2580
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   194824 TATATTCTGAAGGAAGTTGCTGAAGGATTCTATGTTGTGTGAAGAAGAGAAGAAGAATTGG 194883

Qy     2581 CTGGGTGTAGTAGCTCATGCCAAGGAGGAGCCAAGCAGAGGAGGCCAAGAGCAGAGATTCCTGAGCTCAGGA 2640
```

```
Db 194884 CTGGGTGTAGTAGCTCATGCCAAGGAGGAGGCCAAGGAGAGAGCAGATTCCTGAGCTCAGGA 194943
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy   2641 GTTCAAGAGACCAGCCAGCCTGGGCAACACAGCCAAAACCCTTCTCTACAAAAATACAAAAATTA 2700
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 194944 GTTCAAGAGACCAGCCAGCCTGGGCAACACAGCCAAAACCCTTCTCTACAAAAATACAAAAATTA 195003
Qy   2701 GCTGGGTGGTGGCATGCACCTGTAGTCCTAGCTACTCGGGAGGCTGGAGGTGGAGGGTA 2760
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195004 GCTGGGTGGTGGCATGCACCTGTAGTCCTAGCTACTCGGGAGGCTGGAGGTGGAGGGTA 195063
Qy   2761 TTGCTTGAGCCCAGGAAGTTGAGGCTGCAGTGAGCCATGACTGTGCCACTGTACTTCAGC 2820
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195064 TTGCTTGAGCCCAGGAAGTTGAGGCTGCAGTGAGCCATGACTGTGCCACTGTACTTCAGC 195123
Qy   2821 CTAGGTGACAGAGCAAGACACCCTGTCTCCCCGACCCCTGAAAAAGAGAAGAGTAAAGT 2880
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195124 CTAGGTGACAGAGCAAGACACCCTGTCTCCCCGACCCCTGAAAAAGAGAAGAGTAAAGT 195183
Qy   2881 TGACTTTGTTCTTTATTTTATTTGGCCTGAGCAGTGGGTAATTGGCAATGCCAT 2940
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195184 TGACTTTGTTCTTTATTTTATTTGGCCTGAGCAGTGGGTAATTGGCAATGCCAT 195243
Qy   2941 TTCTGATGTGTGAAGGCAGAGGAAAGAGCCAGTTTGGGTAAATCAAGGATCTGCATTTG 3000
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195244 TTCTGATGTGTGAAGGCAGAGGAAAGAGCCAGTTTGGGTAAATCAAGGATCTGCATTTG 195303
Qy   3001 GGACATGTTAAGTTTGAGATTTCAGTCAGGCTTCCAAGTGGTGAGGCCACATAGGCAGTT 3060
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195304 GGACATGTTAAGTTTGAGATTTCAGTCAGGCTTCCAAGTGGTGAGGCCACATAGGCAGTT 195363
Qy   3061 CAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGCACGGCCACGTGGCTCACTTCTGTGTAATCCAGCACT 3120
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195364 CAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGCACGGCCACGTGGCTCACTTCTGTGTAATCCAGCACT 195423
Qy   3121 TTGGTTGGCTGAGCTAGATCATTTGAGGTCAGGAGTTGAGACAAGCTTGGCCAACA 3180
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195424 TTGGTTGGCTGAGCTAGATCATTTGAGGTCAGGAGTTGAGACAAGCTTGGCCAACA 195483
Qy   3181 TGGTGAAACCCCATGTCTACTACTAAAAATACAAAAATTAGCTCGGTGTGGTGGCGCACGCCT 3240
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195484 TGGTGAAACCCCATGTCTACTACTAAAAATACAAAAATTAGCTCGGTGTGGTGGCGCACGCCT 195543
Qy   3241 ATAGTCCCAGCTTTCAGGAGGCTTAGGTAGGAGAATCCCTTAGGAGAATCATGAGTTGCAGG 3300
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195544 ATAGTCCCAGCTTTCAGGAGGCTTAGGTAGGAGAATCCCTTAGGAGAATCATGAGTTGCAGG 195603
Qy   3301 TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGATAGAGTGAGACTCTGT 3360
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195604 TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGATAGAGTGAGACTCTGT 195663
Qy   3361 CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATTTGGG 3420
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195664 CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATTTGGG 195723
Qy   3421 TCTAATTGCCCTGAGCACCAACCTCCTGAGTTCAACTACCATGGCTAGACACACCTTAAC 3480
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195724 TCTAATTGCCCTGAGCACCAACCTCCTGAGTTCAACTACCATGGCTAGACACACCTTAAC 195783
Qy   3481 ATTTTCTAGAATCACCACCAGCTTTAGTGGAGTCTGTCTAATCATGAGTATTGGAATAGGAT 3540
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195784 ATTTTCTAGAATCACCACCAGCTTTAGTGGAGTCTGTCTAATCATGAGTATTGGAATAGGAT 195843
Qy   3541 CTGGGGCAGTGAGGGGTGCAGCCACGTGTGGCAGACAGGAGAAAGCACACAAGGAAAGAGC 3600
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195844 CTGGGGCAGTGAGGGGTGCAGCCACGTGTGGCAGACAGGAGAAAGCACACAAGGAAAGAGC 195903
Qy   3601 ACCCAGGACTGTCATATGGAAGAAAGACAGGACTGCAACTCACCCTTCACAAAATGAGGA 3660
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195904 ACCCAGGACTGTCATATGGAAGAAAGACAGGACTGCAACTCACCCTTCACAAAATGAGGA 195963
Qy   3661 CCAGACACAGCTGATGTGTATGAGTTGATGCGAGGTGTGTGGAGCCTCAACATCTGCTCCC 3720
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195964 CCAGACACAGCTGATGTGTATGAGTTGATGCGAGGTGTGTGGAGCCTCAACATCTGCTCCC 196023

Qy   3721 CTCCTACTACACATGGTTAAGGCCTGTTGCTCGTGCTCTCCAGGTTCACACTCTCTGCACTA 3780
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196024 CCCTACTACACATGGTTAAGGCCTGTTGCTCGTGCTCTCCAGGTTCACACTCTCTGCACTA 196083
Qy   3781 CCTCTTCATGGGTGCCTCAGACAGCAGGACCTTGGTCTTCCTTGTTGAAGCTTTGGGCTA 3840
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196084 CCTCTTCATGGGTGCCTCAGAGCAGGAGGACCTTGGTCTTCCTTGTTGAAGCTTTGGGCTA 196143
Qy   3841 CGTGGATGACCAGCTGTTCGTGTTCTATGATCATGAGAGTCGCCGTGTGGAGCCCGGAAAC 3900
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196144 CGTGGATGACCAGCTGTTCGTGTTCTATGATCATGAGAGTCGCCGTGTGGAGCCCGGAAAC 196203
Qy   3901 TCCATGGGTTTCCAGTAGAATTCAAGCCAGATGGCTGCAGCTGCGAGTCTGAA 3960
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196204 TCCATGGGTTTCCAGTAGAATTCAAGCCAGATGGCTGCAGCTGCGAGTCTGAA 196263
Qy   3961 AGGGTGGGATCACATGTTCACTCGTTGACTTCTGGACTATTATGGAAAATCACAACCACAG 4020
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196264 AGGGTGGGATCACATGTTCACTCGTTGACTTCTGGACTATTATGGAAAATCACAACCACAG 196323
Qy   4021 CAAGGGTATGTGGAGAGGGGGCCTCACCTTCCTGAGGTGTCAGAGCTTTTCATCTTTTC 4080
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196324 CAAGGGTATGTGGAGAGGGGGCCTCACCTTCCTGAGGTGTCAGAGCTTTTCATCTTTTC 196383
Qy   4081 ATGCATCTTGAAGGAAACAGCTGGAAGTCTGAGGTCTTGTGGGAGCAGGGAGAGGGAAG 4140
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196384 ATGCATCTTGAAGGAAACAGCTGGAAGTCTGAGGTCTTGTGGGAGCAGGGAGAGGGAAG 196443
Qy   4141 GAATTTGCTTCCTGAGATCATTTGGTCCTTGGGGATGGTGGAAATAGGGACCTATTCCTT 4200
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196444 GAATTTGCTTCCTGAGATCATTTGGTCCTTGGGGATGGTGGAAATAGGGACCTATTCCTT 196503
Qy   4201 TGGGTTGCAGTTAACAAGGCTGGGGATTTTCCAGAGTCCCACACCCTGCAGGTCATCCTG 4260
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196504 TGGGTTGCAGTTAACAAGGCTGGGGATTTTCCAGAGTCCCACACCCTGCAGGTCATCCTG 196563
Qy   4261 GGCTCTGAAATGCAAGAAGACAACAGTACCGAGGGCTACTGGAAGTACGGGTATGATGGG 4320
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196564 GGCTCTGAAATGCAAGAAGACAACAGTACCGAGGGCTACTGGAAGTACGGGTATGATGGG 196623
Qy   4321 CAGGACCACCTTGAATTCTGCCCTGACACACTGATTGGAGAGCAGCAGCAGCCCAGGGCC 4380
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196624 CAGGACCACCTTGAATTCTGCCCTGACACACTGATTGGAGAGCAGCAGCAGCCCAGGGCC 196683
Qy   4381 TGGCCCCAAGCTGAGTGGAAAGGCACAAGATTCGGGCACCAGCAGAGCAGAACAGGGCCTAC 4440
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196684 TGGCCCCAAGCTGAGTGGAAAGGCACAAGATTCGGGCACCAGCAGAGCAGAACAGGGCCTAC 196743
Qy   4441 CTGGAGAGGGACTGCCCTGCACAGCTGGGGAGCTGGGAGCTGTGGGAGGGAGGTGTTTTG 4500
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196744 CTGGAGAGGGACTGCCCTGCACAGCTGGGGAGCTGGGAGCTGTGGGAGGGAGGTGTTTTG 196803
Qy   4501 GACCACAAGGTATGTGGCACCGGAATCCTGGTTGGAAACACACTTCTGCCCCTATACTCTTCAGTGGCAGAGTGGGAGG 4560
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196804 GACCACAAGGTATGTGGCACCGGAATCCTGGTTGGAAACACACTTCTGCCCCTATACTCTTCAGTGGCAGAGTGGGAGG 196863
Qy   4561 AGGTTGCAGGGCACGAATCCCTGGTTGGAGTTTCAGAGGTTTGAGGCTGTGTGCCCTC 4620
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196864 AGGTTGCAGGGCACGAATCCCTGGTTGGAGTTTCAGAGGTTTGAGGCTGTGTGCCCTC 196923
Qy   4621 TCCAAATTCTGGAAGGGACTTTCTCAATCCTAGAGTCTTCTACCTTATAATTGAGATGTA 4680
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196924 TCCAAATTCTGGAAGGGACTTTCTCAATCCTAGAGTCTTCTACCTTATAATTGAGATGTA 196983
Qy   4681 TGAGACAGCCACAAGTCATGGGTTTAATTCTTTCTTTTCTCCATGCATATGGCTCAAAGGGAA 4740
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196984 TGAGACAGCCACAAGTCATGGGTTTAATTCTTTCTTTTCTCCATGCATATGGCTCAAAGGGAA 197043
Qy   4741 GTGTCTATGGCCCTTGCTTTTATTAACCAATAATCTTTGTATATTTATACCTGTTAA 4800
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197044 GTGTCTATGGCCCTTGCTTTTATTAACCAATAATCTTTGTATATTTATACCTGTTAA 197103
```

```
Qy      5881 GGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGCTGAGAGAATCTATTGGGGGTTGAGAGGAGTGCC 5940
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    198184 GGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGCTGAGAGAATCTATTGGGGGTTGAGAGGAGTGCC 198243

Qy      5941 TGAGGAGGTAATTATTGGCAGTGAGATGAGGATCTGCTCTTGTTCTTCTTGTTGTGGGTGG 6000
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    198244 TGAGGAGGTAATTATTGGCAGTGAGATGAGGATCTGCTCTTGTTCTTCTTGTTGTGGGTGG 198303

Qy      6001 GTGGCAATCAAAGGCTTAACTTGCTTTTCTGTTTAGAGCCCTCACCGTCTGCACCC 6060
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    198304 GTGGCAATCAAAGGCTTAACTTGCTTTTCTGTTTAGAGCCCTCACCGTCTGCACCC 198363

Qy      6061 TAGTCATTGGAGTCATCAGTGGAATTGCTGTTTTGTCGTCATCTTGTTCATTGGAATTT 6120
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    198364 TAGTCATTGGAGTCATCAGTGGAATTGCTGTTTTGTCGTCATCTTGTTCATTGGAATTT 198423

Qy      6121 TGTTCATAATATTAAGGAGAGGCAGGGTTCAAGTGAGTAGGAACAAGGGGAAGTCTCT 6180
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    198424 TGTTCATAATATTAAGGAGAGGCAGGGTTCAAGTGAGTAGGAACAAGGGGAAGTCTCT 198483

Qy      6181 TAGTACCTCTGCCCCAGGCCACAGTGGGAAGAGGGGCAGAGGGGATCTGGCATCCATGGG 6240
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    198484 TAGTACCTCTGCCCCAGGCCACAGTGGGAAGAGGGGCAGAGGGGATCTGGCATCCATGGG 198543

Qy      6241 AAGCATTTTCTCATTTATATTCTTGGGACACCAGCAGCTCCCTGGGAGACAGAAAAT 6300
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    198544 AAGCATTTTCTCATTTATATTCTTGGGACACCAGCAGCTCCCTGGGAGACAGAAAAT 198603

Qy      6301 AATGGTTCTCCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCAACAAACATCTTCAGAGCACCTACTAT 6360
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    198604 AATGGTTCTCCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCAACAAACATCTTCAGAGCACCTACTAT 198663

Qy      6361 TTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTAGTACAGGGGCTTTGAGGTTGAGAAGTCACTGGGCTAT 6420
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    198664 TTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTAGTACAGGGGCTTTGAGGTTGAGAAGTCACTGGGCTAT 198723

Qy      6421 TCTCAGAACCCAAATCTGGTAGGGATGAAATTGATAGCAAGTAAATGTAGTTAAAGAAG 6480
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    198724 TCTCAGAACCCAAATCTGGTAGGGATGAAATTGATAGCAAGTAAATGTAGTTAAAGAAG 198783

Qy      6481 ACCCCATGAGGTCCTAAAGCAGGCAGGAAGCAAATGCTTAGGGTGTCAAAGGAAAGAATG 6540
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    198784 ACCCCATGAGGTCCTAAAGCAGGCAGGAAGCAAATGCTTAGGGTGTCAAAGGAAAGAATG 198843

Qy      6541 ATCACATTCAGCTCGGGGATCAAGATAGCCTTCGAACGGAGAAGCTGGATTCCA 6600
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    198844 ATCACATTCAGCTCGGGGATCAAGATAGCCTTCGAACGGAGAAGCTGGATTCCA 198903

Qy      6601 TTAGGTGAGGTTGAAGATGATGGAGGTCTCACAGACGAGCAACCATGCCAAGTAGGA 6660
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    198904 TTAGGTGAGGTTGAAGATGATGGAGGTCTCACAGACGAGCAACCATGCCAAGTAGGA 198963

Qy      6661 GAGTATAAGGCATACTGGGAGATTAGAAATAATTACTGTACCCTAACCCTGAGTTGCGT 6720
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    198964 GAGTATAAGGCATACTGGGAGATTAGAAATAATTACTGTACCCTAACCCTGAGTTTGCGT 199023

Qy      6721 AGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCATTTGAACATCTGTGGTGTGGTGTAGGGAAAAGA 6780
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    199024 AGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCATTTGAACATCTGTGGTGTGGTGTAGGGAAAAGA 199083

Qy      6781 GAATCAGAAGAGAAGCCAGCTCATCAGAGTCTTTTGGGATATTGGGTTATGA 6840
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    199084 GAATCAGAAGAGAAGCCAGCTCATCAGAGTCTTTTGGGATATTGGGTTATGA 199143

Qy      6841 TCACTGGGGTGTCATTGAAGGATCTGGGAAGTTGCACACATCCTTAACCCTGAGTTTTGCGT 6900
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    199144 TCACTGGGGTGTCATTGAAGGATCTGGGAAGTTGCACACATCCTTAACCCTGAGTTTGCGTG 199203

Qy      6901 AATGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGAAGTTAGATGAGAGGTGAGGAGACCAATAAGCAT 6960
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    199204 AATGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGAAGTTAGATGAGAGGTGAGGAGACCAATAAGCAT 199263

Qy      6961 TTCCAGATGAGAGATAATGGTTCTTGAAATCCAATAGTGCCAGTCTAAATTGAGATGG 7020
```

```
Qy      4801 AAATTCAGAAATGTCAAGGCCGCGGGCACGGTGGCTCACCCCTGTAATCCCAGCACTTTGGG 4860
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    197104 AAATTCAGAAATGTCAAGGCCGCGGGCACGGTGGCTCACCCCTGTAATCCCAGCACTTTGGG 197163

Qy      4861 AGGCCGAGGCGGGCGGTGTCACAAGGTTCAGGAGTTTGAGACCAGCCTGACCAACATGGTGAA 4920
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    197164 AGGCCGAGGCGGGCGGTGTCACAAGGTTCAGGAGTTTGAGACCAGCCTGACCAACATGGTGAA 197223

Qy      4921 ACCCGTCTCTAAAAAATACAAAAATTAGCTGGGCATGGTCACAGTCATCGCACCGTAGTCCCA 4980
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    197224 ACCCGTCTCTAAAAAATACAAAAATTAGCTGGGCATGGTCACAGTCATCGCACCGTAGTCCCA 197283

Qy      4981 GCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGAGCATCGCTTGAACCTTGGGAGGCGGAAGTTGCACTGA 5040
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    197284 GCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGAGCATCGCTTGAACCTTGGGAGGCGGAAGTTGCACTGA 197343

Qy      5041 GCCAAGATCGCGCCACTGCACTCCAGCCTGGGCAGCAGAGTGAGACTCCATCTTAAAAAA 5100
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    197344 GCCAAGATCGCGCCACTGCACTCCAGCCTGGGCAGCAGAGTGAGACTCCATCTTAAAAAA 197403

Qy      5101 AAAAAAAAAAAAAAGAGAATTCAGAGAATCTCAGCTATCATATGAATACCAGGACAAA 5160
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    197404 AAAAAAAAAAAAAAGAGAATTCAGAGAATCTCAGCTATCATATGAATACCAGGACAAA 197463

Qy      5161 ATATCAAGTGAGGCCACTTATCAGAATAGTAGAAGAATCCTTTAGGTTAAAGTTTCTTCAT 5220
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    197464 ATATCAAGTGAGGCCACTTATCAGAATAGTAGAAGAATCCTTTAGGTTAAAGTTTCTTCAT 197523

Qy      5221 AGAACAATAGCAATAATCACTGAAGCTACCTATCTTACAAGTCCGCTTCTTATAACAATGC 5280
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    197524 AGAACAATAGCAATAATCACTGAAGCTACCTATCTTACAAGTCCGCTTCTTATAACAATGC 197583

Qy      5281 CTCCTAGGTTGACCCAGTGAAACTGACCATCTGTATTCAATCATTTCAATGCACATAA 5340
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    197584 CTCCTAGGTTGACCCAGTGAAACTGACCATCTGTATTCAATCATTTCAATGCACATAA 197643

Qy      5341 AGGGCAATTTTATCTATCAGAACAAAGAACATGGTAACATGTATATTTACACATGTG 5400
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    197644 AGGGCAATTTTATCTATCAGAACAAAGAACATGGTAACATGTATATTTACACATGTG 197703

Qy      5401 AGGAGAACAAGCTGATCTGACTGCTCTCCAAGTGACACTGTGTTAGAGTCCAATCTTAGG 5460
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    197704 AGGAGAACAAGCTGATCTGACTGCTCTCCAAGTGACACTGTGTTAGAGTCCAATCTTAGG 197763

Qy      5461 ACACAAAATGTGTCTCTCCGTAGCTTGTGTTGTTTTTCTGAAAAGGGTATTCCTTCCTCC 5520
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    197764 ACACAAAATGTGTCTCTCCGTAGCTTGTGTTGTTTTTCTGAAAAGGGTATTCCTTCCTCC 197823

Qy      5521 AACCTATAGAGGAAGTGAAAGTGAAAGTGGATCTCCAGTCTCTTGGCAAGGGTAAACAGATCCCCTCTC 5580
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    197824 AACCTATAGAGGAAGTGAAAGTGAAAGTGGATCTCCAGTCTCTTGGCAAGGGTAAACAGATCCCCTCTC 197883

Qy      5581 CTCATCCTTCCTCTTTCCTGTCAAGGCCTTCCTTGGTGAAGGTGACACATCATGTGACC 5640
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    197884 CTCATCCTTCCTCTTTCCTGTCAAGGCCTTCCTTGGTGAAGGTGACACATCATGTGACC 197943

Qy      5641 TCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGGGGCCTTGAACTACTACCCCAGAACATCACCATG 5700
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    197944 TCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGGGGCCTTGAACTACTACCCCAGAACATCACCATG 198003

Qy      5701 AAGTGGCTGAAGAGGGTGAAGTGAGATAAGCAGCCAATGGATGGATGCCAAGGAGTTCGAACCTAAAGACGTATTG 5760
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    198004 AAGTGGCTGAAGAGGGTGAAGTGAGATAAGCAGCCAATGGATGGATGCCAAGGAGTTCGAACCTAAAGACGTATTG 198063

Qy      5761 CCCAATGGGGATGGGGACCTACCAGGTGGAGCCACCAGGGCTGGACACCCTGTACCCCCTGGGGAAGAG 5820
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    198064 CCCAATGGGGATGGGGACCTACCAGGTGGAGCCACCAGGGCTGGACACCCTGTACCCCCTGGGGAAGAG 198123

Qy      5821 CAGAGATATACGTACGCTGGAGCGTGGAGCTGGACAGCCTGGGATCAGCGCCCCTCATTGTGATCTGG 5880
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    198124 CAGAGATATACGTACGCTGGAGCGTGGAGCTGGACAGCCTGGGATCAGCGCCCCTCATTGTGATCTGG 198183
```

```
Db 199264 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
          TTCCAGATGAGAGAGCATAATGGTTCTTGAAATCCAATGTGCCCAGGTCTAAATTGAGATGG 199323

Qy   7021 GTGAATGAGGAAAATAAGGAAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGCCACTACGTCTTGAGCTGAACG 7080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 199324 GTGAATGAGGAAAATAAGGAAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGCCACTACGTCTTGAGCTGAACG 199383

Qy   7081 CTTTCCTCGGGTCTCGTGTCTCCACAGGAGGAGCCATGGGGCCACTGGGCCACTGCCTAGCTGTGAACG 7140
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 199384 CTTTCCTCGGGTCTCGTGTCTCCACAGGAGGAGCCATGGGGCCACTGGGCCACTGCCTAGCTGTGAACG 199443

Qy   7141 TGAGTGACACGCAGCCTGCCAGACTCACTGTGGGAAGGAGACAAAACTAGAGACTCAAAGA 7200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 199444 TGAGTGACACGCAGCCTGCCAGACTCACTGTGGGAAGGAGACAAAACTAGAGACTCAAAGA 199503

Qy   7201 GGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCATGTTTCAGGAGAGACAGTTGAACCTAAACATAGAAATT 7260
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 199504 GGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCATGTTTCAGGAGAGACAGTTGAACCTAAACATAGAAATT 199563

Qy   7261 GCCTGACGAACTCCTTGATTTTAGCCTTCTCTGTTCATTTCCTCAAAAAGATTTCCCCAT 7320
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 199564 GCCTGACGAACTCCTTGATTTTAGCCTTCTCTGTTCATTTCCTCAAAAAGATTTCCCCAT 199623

Qy   7321 TTAGGTTTCTGAGTCCTGCATGCCGGTGATCCCTAGCTGTGACCTCTCCCCTGGAACTG 7380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 199624 TTAGGTTTCTGAGTCCTGCATGCCGGTGATCCCTAGCTGTGACCTCTCCCCTGGAACTG 199683

Qy   7381 TCTCTCATGAACCTCAAGCTGCATCTAGAGGCTTCCTTCATTTCCTCCGTCACCTCAGAG 7440
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 199684 TCTCTCATGAACCTCAAGCTGCATCTAGAGGCTTCCTTCATTTCCTCCGTCACCTCAGAG 199743

Qy   7441 ACATACACCTATGCATTTCATTTCATTTCCTATTTTGGAAGAGGACTCCTTAAATTGGGGA 7500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 199744 ACATACACCTATGCATTTCATTTCATTTCCTATTTTGGAAGAGGACTCCTTAAATTGGGGA 199803

Qy   7501 CTTACATGATTCATTTAACATCTGAGAAAAGCTTTGAACCCTGGGACCCGGTTGCTAGTCAT 7560
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 199804 CTTACATGATTCATTTAACATCTGAGAAAAGCTTTGAACCCTGGGACCCGGTTGCTAGTCAT 199863

Qy   7561 AACCTTACCAGTAGCATCATGCATCTATGTGGGTAGTATGATGGGTGTTTTCCT 7620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 199864 AACCTTACCAGTAGCATCATGCATCTATGTGGGTAGTATGATGGGTGTTTTCCT 199923

Qy   7621 TTGAATCCTCTCGTGTTACCCAGTAACTCATCTGTCACCAAGCCTTGGGGATTCTTC 7680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 199924 TTGAATCCTCTCGTGTTACCCAGTAACTCATCTGTCACCAAGCCTTGGGGATTCTTC 199983

Qy   7681 CATCTGATTGTGATGTGAGTGGCACAGCTATGAAGGCTGTACACTGCACGAATGGAAGAG 7740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 199984 CATCTGATTGTGATGTGAGTGGCACAGCTATGAAGGCTGTACACTGCACGAATGGAAGAG 200043

Qy   7741 GCAACCTGTCCCAGAAAAGCATCATGGCTATCTGTGGGTAGTATGATGGGTGTTTTTAGC 7800
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 200044 GCAACCTGTCCCAGAAAAGCATCATGGCTATCTGTGGGTAGTATGATGGGTGTTTTTAGC 200103

Qy   7801 AGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGGTTGTGAAGAGGTGTGTTTTTTCTAATTGGCATGA 7860
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 200104 AGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGGTTGTGAAGAGGTGTGTTTTTTCTAATTGGCATGA 200163

Qy   7861 AGTGTCATACAGATTTGCAAAGTTCACACGTGCCTTCATTTGGATGCTACTCTAGTAT 7920
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 200164 AGTGTCATACAGATTTGCAAAGTTCACACGTGCCTTCATTTGGATGCTACTCTAGTAT 200223

Qy   7921 TCCAGACCTGAAGAATCACACATAATTTTCTACCTGGTCTCCTTGTTCTGATAATGAAA 7980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 200224 TCCAGACCTGAAGAATCACACATAATTTTCTACCTGGTCTCCTTGTTCTGATAATGAAA 200283

Qy   7981 ATTATGATAAGGATGATAAAAGCACTTACTTCGTGTCCGACTCTTCTGAGCACCTACTTA 8040
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 200284 ATTATGATAAGGATGATAAAAGCACTTACTTCGTGTCCGACTCTTCTGAGCACCTACTTA 200343

Qy   8041 CATGCATTACTGCATGCACTTCTTACAATAATTCATGAGATAGGTACTATTATCCCCAT 8100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 200344 CATGCATTACTGCATGCACTTCTTACAATAATTCATGAGATAGGTACTATTATCCCCAT 200403

Qy   8101 TTCTTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGTGGCCGGCACGGGTGGCTCACGCCTGTAATCCC 8160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 200404 TTCTTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGTGGCCGGCACGCGGTGGCTCACGCCTGTAATCCC 200463

Qy   8161 AGCACTTTGGGAGGCCAAAGGGGTGGATCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCCTGGC 8220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 200464 AGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGTGGATCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCCTGGC 200523

Qy   8221 TAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGCAG 8280
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 200524 TAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAATTAGCCGGGCGTGGTGGCAG 200583

Qy   8281 ACGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCGTGAACCCAGGAGG 8340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 200584 ACGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCGTGAACCCAGGAGG 200643

Qy   8341 CAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTTGCGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGACAGAGTGAGA 8400
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 200644 CAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTTGCGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGACAGAGTGAGA 200703

Qy   8401 CTCCATCTCAAAAAATAAAAATAAAAATAAAAAATAAAAAAATGAAAAAGAAAGTGAAGTA 8460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 200704 CTCCATCTCAAAAAATAAAAATAAAAATAAAAATGAAAATGAAAAAGAAAGTGAAGTA 200763

Qy   8461 TAGAGTATCTCATAGTTTGTCAGTGATAGAAACAGGTTCAAACTCAGTCAATCTGACCG 8520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 200764 TAGAGTATCTCATAGTTTGTCAGTGATAGAAACAGGTTCAAACTCAGTCAATCTGACCG 200823

Qy   8521 TTTGATACATCTCAGACACCACTACATTCAGTAGTTTAGATGCCTAGAATAAATAGAGAA 8580
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 200824 TTTGATACATCTCAGACATCTCAGACACCACTACATTCAGTAGTTTAGATGCCTAGAATAAATAGAGAA 200883

Qy   8581 GGAAGGAGATGGCTCTCTCCTCGTGTTCTTCTTCCAGTGAGTGCGAGCTTGAATCACAT 8640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 200884 GGAAGGAGATGGCTCTCTCCTCGTGTTCTTCTTCCAGTGAGTGCGAGCTTGAATCACAT 200943

Qy   8641 GAAGGGAACAGCAGAAAACAACCAACTGATCCTCAGCTGTCATGTTCCTTTAAAAGTC 8700
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 200944 GAAGGGAACAGCAGAAAACAACCAACTGATCCTCAGCTGTCATGTTCCTTTAAAAGTC 201003

Qy   8701 CCTGAAGGAAGTCCTGGAATGGACTCCCCTTGCTCCTCGTGTTGCTTCTTTGGCATTCA 8760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201004 CCTGAAGGAAGTCCTGGAATGGACTCCCCTTGCTCCTCGTGTTGCTTCTTTGGCATTCA 201063

Qy   8761 TTTCTTTGGACCCTACCGCAAGGACTGTAATTGGTGGGGACAGCTAGTGCCCTGCTGGGC 8820
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201064 TTTCTTTGGACCCTACCGCAAGGACTGTAATTGGTGGGGACAGCTAGTGCCCTGCTGGGC 201123

Qy   8821 TTCACACGGTGTCCTCCCTAGGCCAGTCGAGTCAGAACTCGAGAACTCTGGTGGTATTTC 8880
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201124 TTCACACGGTGTCCTCCCTAGGCCAGTCGAGTCAGAACTCGAGAACTCTGGTGGTATTTC 201183

Qy   8881 CCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCTCATTTTGAGATGGTATAATGGAAGCCACCAAGTG 8940
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201184 CCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCTCATTTTGAGATGGTATAATGGAAGCCACCAAGTG 201243

Qy   9001 AGCTTAGGATGCCCAGGTCCTTCCATGGAGCCCACTGGGGTTCCGGTGCACATTAAAAAA 9000
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201244 GCTTAGGATGCCCAGGTCCTTCCATGGAGCCCACTGGGGTTCCGGTGCACATTAAAAAA 201303

Qy   9001 AAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCTAGATCTAGAATCAGTTCACCATCGTTCA 9060
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201304 AAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCTAGATCTAGAATCAGTTCACCATCGTTCA 201363

Qy   9061 AAAGAGTTCTTTTTTTTTTTTGAGACTCTATTGCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCATGAT 9120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201364 AAAGAGTTCTTTTTTTTTTTTTTTTTTGAGACTCTATTGCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCATGAT 201423

Qy   9121 CTCGGCTCACTGCTAACCTCTGCCTCCCAGGTTCAAGCGAATTCAGCCTCCCA 9180
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201424 CTCGGCTCACTGCTAACCTCTGCCTCCCAGGTTCAAGCGAATTCAGCCTCCCA 201483
```

```
Qy    9181  AGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCATGCCCGGCTAATTTTTGTATTTTTAGTAGA  9240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  201484  AGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCATGCCCGGCTAATTTTTGTATTTTTAGTAGA  201543

Qy    9241  GACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCCTGACCTCGTGATCCGCC    9300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  201544  GACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCCTGACCTCGTGATCCGCC    201603

Qy    9301  TGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGTGTGAGCCACCGCGTCAA          9360
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  201604  TGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGTGTGAGCCACCGCGTCAA          201663

Qy    9361  AGAGTCTTAATATATATCCAGATGCATGTGTTTACTTTATGTTACTACATGCACTTG     9420
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  201664  AGAGTCTTAATATATATCCAGATGCATGTGTTTACTTTATGTTACTACATGCACTTG     201723

Qy    9421  GCTGCATAAATGTGGTACAAGCATTCTGTCTTGAAGGGCAGGTGCTTCAGGATACCATAT  9480
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  201724  GCTGCATAAATGTGGTACAAGCATTCTGTCTTGAAGGGCAGGTGCTTCAGGATACCATAT  201783

Qy    9481  ACAGCTCAGAAGTTTCTTCTTCTTTTTTGTGGCATTAAATTTTAGCAAAGATATCTCATCTCTTCTT  9540
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  201784  ACAGCTCAGAAGTTTCTTCTTCTTTTTTGTGGCATTAAATTTTAGCAAAGATATCTCATCTCTTCTT  201843

Qy    9541  TTAAACCATTTCTTTTTTGTGGTTAGAAAAGTTATGTAGAAAAAGTAAATGTGATT      9600
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  201844  TTAAACCATTTCTTTTTTGTGGTTAGAAAAGTTATGTAGAAAAAGTAAATGTGATT      201903

Qy    9601  ACGCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAAATGAATACAATTAAAGCTGTTATTTAATTAGCCAG  9660
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  201904  ACGCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAAATGAATACAATTAAAGCTGTTATTTAATTAGCCAG  201963

Qy    9661  TGAAAAACTATTAACAACTTGTCTATTACCTGTTAGTATTGTTGCATTAAAAATGCA     9720
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  201964  TGAAAAACTATTAACAACTTGTCTATTACCTGTTAGTATTGTTGCATTAAAAATGCA     202023

Qy    9721  TATACTTAATAAAATGTATATACTTAATCGCTTTGTCATTGTGTATGTCATGATTTTATTGAAGTCTTGTTC  9780
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  202024  TATACTTAATAAAATGTATATACTTAATCGCTTTGTCATTGTGTATGTCATGATTTTATTGAAGTCTTGTTC  202083

Qy    9781  ATCTTGTGTATATACTTAATCGCTTTGTCATTTGGAGACATTTATTTTGCTTCTAATTT    9840
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  202084  ATCTTGTGTATATACTTAATCGCTTTGTCATTTGGAGACATTTATTTTGCTTCTAATTT    202143

Qy    9841  CTTTACATTTGTCTTACGGAATATTTCATTCAACTGTGGTAGCCGGAATTAATCGTGTT   9900
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  202144  CTTTACATTTGTCTTACGGAATATTTCATTCAACTGTGGTAGCCGGAATTAATCGTGTT   202203

Qy    9901  TCTTCACTCTAGGGACATTGTCGTCTAAGTTGTAAGACATTGGTTATTTTACCAGCAAAC  9960
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  202204  TCTTCACTCTAGGGACATTGTCGTCTAAGTTGTAAGACATTGGTTATTTTACCAGCAAAC  202263

Qy    9961  CATTCTGAAAGCATATGACAAAATTATTTCTCTCTTAAATATCTTACTATACTGAAAGCAGA  10020
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  202264  CATTCTGAAAGCATATGACAAAATTATTTCTCTCTTAAATATCTTACTATACTGAAAGCAGA  202323

Qy   10021  CTGCTATAAGGCTTCACTTACTTCTCTACCTCTACCCTCATAAGGAATATGTTACAATTAATTTATT  10080
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  202324  CTGCTATAAGGCTTCACTTACTTCTCTACCTCTACCCTCATAAGGAATATGTTACAATTAATTTATT  202383

Qy   10081  AGGTAAGCATTTGTTTTATATTGGTTTTATTTGTTTATTTGTTTATTTCAAGAAAACC   10140
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  202384  AGGTAAGCATTTGTTTTATATTGGTTTTATTTGTTTATTTGTTTATTTCAAGAAAACC   202443

Qy   10141  CCAGTCTTCACAGTAACACATTTCACTAACATTACTAAACATCAGCAACTGTGGCCT    10200
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  202444  CCAGTCTTCACAGTAACACATTTCACTAACATTACTAAACATCAGCAACTGTGGCCT    202503

Qy   10201  GTTAATTTTTTAATAGAATTTCTTTTTCGTTGTTTTTTAAGCTTAA              10260
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  202504  GTTAATTTTTTAATAGAATTTCTTTTTCGTTGTTTTTTAAGCTTAA              202563

Qy   10261  TTTTTCTGGCTTTATTCATAAATTCTTAAGGTCAACTACATTGAAAAATCAAAGACCTG  10320
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  202564  TTTTTCTGGCTTTATTCATAAATTCTTAAGGTCAACTACATTGAAAAATCAAAGACCTG  202623

Qy   10321  CATTTTAAATTCTTATTCACCTCTGGCAAAACCATTCACAAACCATTGGTAGTAGAGAA  10380
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  202624  CATTTTAAATTCTTATTCACCTCTGGCAAAACCATTCACAAACCATTGGTAGTAGAGAA  202683

Qy   10381  GGGTGACACCTGGTGCCATAGGTAAATGTACCACGGTGTCCGTGACCAGAGATGCAG   10440
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  202684  GGGTGACACCTGGTGCCATAGGTAAATGTACCACGGTGTCCGTGACCAGAGATGCAG   202743

Qy   10441  CGCTGAGGGTTTCCTGAAGGTAAAGGAATAAAGAATGGGTGGAGGGGCCTGCACTGGAA  10500
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  202744  CGCTGAGGGTTTCCTGAAGGTAAAGGAATAAAGAATGGGTGGAGGGGCCTGCACTGGAA  202803

Qy   10501  ATCACTTGTGAGAAAAGCCCCTGAAAATTTGAGAAAACAAGAAACTACTTACCAG     10560
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  202804  ATCACTTGTGAGAAAAGCCCCTGAAAATTTGAGAAAACAAGAAACTACTTACCAG     202863

Qy   10561  CTATTTGAATTGCTGGAATCACAGGCCATTGCCTGAGCTGCCTGAGCTGCTCAGTACAGCAACACACAG  10620
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  202864  CTATTTGAATTGCTGGAATCACAGGCCATTGCCTGAGCTGCCTGAGCTGCTCAGTACAGCAACACACAG  202923

Qy   10621  AAGGAAAACAAACCACTCTGATAATCATTGAGTCAAGTACAGCAGGTGATTGAGGACTGC  10680
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  202924  AAGGAAAACAAACCACTCTGATAATCATTGAGTCAAGTACAGCAGGTGATTGAGGACTGC  202983

Qy   10681  TGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTTATGTTGTATTATAATGTCATCTTATAATAACTGT   10740
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  202984  TGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTTATGTTGTATTATAATGTCATCTTATAATAACTGT   203043

Qy   10741  CAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAACATTTAAAACACAATTAAAAACAAAACACTGTCTC  10800
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  203044  CAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAACATTTAAAACACAATTAAAAACAAAACACTGTCTC  203103

Qy   10801  TAAAATCCCCAAATTTTTCATAAAC  10825
            |||||||||||||||||||||||||
Db  203104  TAAAATCCCCAAATTTTTCATAAAC  203128
```

```
NAME: Fitts, Renee A.
REGISTRATION NUMBER: 35,136
REFERENCE/DOCKET NUMBER: 017957-000100
TELECOMMUNICATION INFORMATION:
    TELEPHONE: 415-576-0200
    TELEFAX: 415-576-0300
INFORMATION FOR SEQ ID NO: 21:
    SEQUENCE CHARACTERISTICS:
        LENGTH: 246240 base pairs
        TYPE: nucleic acid
        STRANDEDNESS: not relevant
        TOPOLOGY: not relevant
    MOLECULE TYPE: cDNA
    FEATURE:
        NAME/KEY: misc_feature
        LOCATION: 1..246240
        OTHER INFORMATION: /note= "HLA-H.CONTIG"
US-08-724-394A-21

Query Match       100.0%;   Score 10823.4;  DB 2;  Length 246240;
Best Local Similarity  100.0%;  Pred. No. 0;
Matches 10824;  Conservative 0;  Mismatches 0;  Indels 1;  Gaps 0;

Qy        1 TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTAAATGTATGATTGAATTTTGAAAATCATAAATATTTA 60
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   192304 TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTAAATGTATGATTGAATTTTGAAAATCATAAATATTTA 192363

Qy       61 AATATCTAAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTTCCCCAATCAACAACACCCCT 120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   192364 AATATCTAAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTTCCCCAATCAACAACACCCCT 192423

Qy      121 TCAGGATTTAAAAACCAAGGGGACACTGGATCACCTAGTGTTTCACAAGCAGGTACCTT 180
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   192424 TCAGGATTTAAAAACCAAGGGGACACTGGATCACCTAGTGTTTCACAAGCAGGTACCTT 192483

Qy      181 CTGCTGTAGGAGAGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTTGCTTTTCACCAGGAAGTT 240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   192484 CTGCTGTAGGAGAGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTTGCTTTTCACCAGGAAGTT 192543

Qy      241 TTACTGGGCATCTCCTGAGCCTAGGCAATAGCTGTGAGGTGACTCGTGGCCATCCCCG 300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   192544 TTACTGGGCATCTCCTGAGCCTAGGCAATAGCTGTGAGGTGACTCGTGGCCATCCCCG 192603

Qy      301 TTTCCCCGCCCCCAAAAGAGAGCCGGAGATTTAACGGGACGTGCGCGCAGAGCTGGGGAA 360
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   192604 TTTCCCCGCCCCCAAAAGAGAGCCGGAGATTTAACGGGACGTGCGCGCAGAGCTGGGGAA 192663

Qy      361 ATGGGCCCCGCCGAGCCAGGCCGGCGGCCGCGCTTCTCCTCCTGATGCTTTGCAGACCGGTCCTG 420
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   192664 ATGGGCCCCGCCGAGCCAGGCCGGCGGCCGCGCTTCTCCTCCTGATGCTTTGCAGACCGGTCCTG 192723

Qy      421 CAGGGGCGGCGTTGCTGCGTGAGTCCGAGGGCTGCGGGGAACTAGGGGCGGCGGGGGTG 480
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   192724 CAGGGGCGGCGTTGCTGCGTGAGTCCGAGGGCTGCGGGGAACTAGGGGCGGCGGGGGTG 192783

Qy      481 GAAAAATCGAAACTAGCTTTTTCTTTGCGCTTCCGCTCCCCTACTTTCTGCGCCCTCCCTCCCA 540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   192784 GAAAAATCGAAACTAGCTTTTTCTTTGCGCTTCCGCTCCCCTACTTTCTGCGCCCTCCCTCCCA 192843

Qy      541 TCAACCCTATCCGCAAGCCCTCCGCTCCCTACTTTCTGCGCCCCAGACCCGCTCCCCCGGCTGC 600
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   192844 TCAACCCTATCCGCAAGCCCTCCGCTCCCTACTTTCTGCGCCCCAGACCCGCTCCCCCGGCTGC 192903

Qy      601 CTACCACTGAACTGCGAGATGCAGATAGGGGTCCCTGCGCCCCCAGGAGTGC 660
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   192904 CTACCACTGAACTGCGAGATGCAGATAGGGGTCCCTGCGCCCCCAGGAGTGC 192963

Qy      661 CCCGGCTCTCGCGGAGTGACTTTTGGAACCGCCCCACTCCCTTCCCCACTAGAATGCTTT 720
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   192964 CCCGGCTCTCGCGGAGTGACTTTTGGAACCGCCCCACTCCCTTCCCCACTAGAATGCTTT 193023

Qy      721 TAAATAAATCTGTAGTTCCTCACTTGAGCTGAGCTAAGCCGTGAGCTCCTTGAACCTGG 780
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   193024 TAAATAAATCTGTAGTTCCTCACTTGAGCTGAGCTAAGCCGTGAGCTCCTTGAACCTGG 193083

Qy      781 AACTCGGGTTTATTTCCAATGTCAGCTGTGCAGTTTTTCCCAGTCATCTCCAAAACAGG 840
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   193084 AACTCGGGTTTATTTCCAATGTCAGCTGTGCAGTTTTTCCCAGTCATCTCCAAAACAGG 193143

Qy      841 AAGTTCTTCCCTGAGTGCTTGCCGAGAAGGCTGAGCAAACCCACAGCAGGATCCCGCACGG 900
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   193144 AAGTTCTTCCCTGAGTGCTTGCCGAGAAGGCTGAGCAAACCCACAGCAGGATCCCGCACGG 193203

Qy      901 GGTTCCACCTCAGAACGAATCGTTGGCGGTCGGGGCGGCGAAAGAGTGGCGGTTGGGGA 960
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   193204 GGTTCCACCTCAGAACGAATCGTTGGCGGTCGGGGCGGCGAAAGAGTGGCGGTTGGGGA 193263

Qy      961 TCTGAATTCTTCACCATTCCACCCACTTTTGGTGAGACCTGGGGTGGAGGTCTCTAGGGT 1020
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   193264 TCTGAATTCTTCACCATTCCACCCACTTTTGGTGAGACCTGGGGTGGAGGTCTCTAGGGT 193323

Qy     1021 GGGAGGCTCCTGAGAGAGGCCTTACCCTCGGGGCCCTTCCCCCACTCCTTGCCAATTGTCTTTT 1080
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   193324 GGGAGGCTCCTGAGAGAGGCCTTACCCTCGGGGCCCTTCCCCCACTCCTTGCCAATTGTCTTTT 193383

Qy     1081 GCCTGGAAAATTAAGTATATGTTAGTTTGAACGTTTGAACTGAACAATTCTCTTTTTCGG 1140
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   193384 GCCTGGAAAATTAAGTATATGTTAGTTTGAACGTTTGAACTGAACAATTCTCTTTTTCGG 193443

Qy     1141 CTAGGCTTTATTGATTTGCAATGTGCTGTGTAATTAGAGGCCTCTCTACAAAGTACTGA 1200
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   193444 CTAGGCTTTATTGATTTGCAATGTGCTGTGTAATTAGAGGCCTCTCTACAAAGTACTGA 193503

Qy     1201 TAATGAACATGTAAGCAATGCACTCACTTCTAAGTTACATTCATATCTGATCTTATTTGA 1260
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   193504 TAATGAACATGTAAGCAATGCACTCACTTCTAAGTTACATTCATATCTGATCTTATTTGA 193563

Qy     1261 TTTTCACTAGGCATAGGGAGGTAGGAGCTAATAATAATACGTTTATTTTACTAGAAGTTAACT 1320
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   193564 TTTTCACTAGGCATAGGGAGGTAGGAGCTAATAATAATACGTTTATTTTACTAGAAGTTAACT 193623

Qy     1321 GGAATTCAGATTATATAACTCTTTTCAAAGAACATAAATAATCTGGTTTTCTG 1380
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   193624 GGAATTCAGATTATATAACTCTTTTCAAAGAACATAAATAATCTGGTTTTCTG 193683

Qy     1381 ATGTTATTTCAAGTACTACAGCTGCTTCTAATCTTAGTTGACAGTGATTTTGCCCTGTAG 1440
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   193684 ATGTTATTTCAAGTACTACAGCTGCTTCTAATCTTAGTTGACAGTGATTTTGCCCTGTAG 193743

Qy     1441 TGTAGCACAGTGTTCTGTGGTCACACGCCGCCTCAGCACGCGCACTTGAGTTTTGGTA 1500
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   193744 TGTAGCACAGTGTTCTGTGGTCACACGCCGCCTCAGCACGCGCACTTGAGTTTTGGTA 193803

Qy     1501 CTACGTGTATCCACATTTTACACATGAGGATGAGCAAGAATGAGGCCTGCCACGCCTCCTGG 1560
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   193804 CTACGTGTATCCACATTTTACACATGAGGATGAGCAAGAATGAGGCCTGCCACGCCTCCTGG 193863

Qy     1561 CAAATTTATTCAATGGTACACTGGGCTTTGGTGGCAGAGCTCATGTCTCCACTTCATAGC 1620
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   193864 CAAATTTATTCAATGGTACACTGGGCTTTGGTGGCAGAGCTCATGTCTCCACTTCATAGC 193923

Qy     1621 TATGATTCTTAAACATCACACTGCATTAGAGGTTGAATAATAAAATTCATGTTGACCAG 1680
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   193924 TATGATTCTTAAACATCACACTGCATTAGAGGTTGAATAATAAAATTCATGTTGACCAG 193983

Qy     1681 AAATATTCATTGTTACAAGTGTAAATGAGTCCCAGCCATGTGTCGCTGCCATGTTGAAGCCC 1740
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   193984 AAATATTCATTGTTACAAGTGTAAATGAGTCCCAGCCATGTGTCGCTGCCATGTTGAAGCCC 194043

Qy     1741 CAAGGGAGAGAGCAGGGAAACAAGTCTTTACCCTTTGCATTCAGTGGAGA 1800
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   194044 CAAGGGAGAGAGCAGGGAAACAAGTCTTTACCCTTTGCATTCAGTGGAGA 194103

Qy     1801 GATGACAATAAGCAAAGATATGAGCACAAAGAATATCAACATCAGGAAATCATGGGTGTTGA 1860
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   194104
```

```
Db 194104 GATGACAATAAGCAAATGAGCAGAAAGATATACACAATCAGGAAATCATGGGTGTTGTGA 194163

Qy   1861 GAAGCAGAGAAGTCAGGGCAAGTCACTCTGGGGCTGACACTTGAGCAGCAGACATGAAGGA 1920
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 194164 GAAGCAGAGAAGTCAGGGCAAGTCACTCTGGGGCTGACACTTGAGCAGCAGACATGAAGGA 194223

Qy   1921 AATAAGAATGATATTGACTGGGAGCAGTATTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCCTGGCCAAG 1980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 194224 AATAAGAATGATATTGACTGGGAGCAGTATTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCCTGGCCAAG 194283

Qy   1981 TTGGATTAAAAAGCGGGTTTTCTCAGCACTCATGTGTGTGTGTGGGGGGGGGG 2040
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 194284 TTGGATTAAAAAGCGGGTTTTCTCAGCACTCATGTGTGTGTGTGGGGGGGGGG 194343

Qy   2041 CGGCGTGGGGTGGGAAGGGGACTACCATCTGCATGTAGGATGTCTAGCAGTATCCTGT 2100
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 194344 CGGCGTGGGGTGGGAAGGGGACTACCATCTGCATGTAGGATGTCTAGCAGTATCCTGT 194403

Qy   2101 CCTCCCTACTCACTAGGTGCTAGGAGCACTCCCCAGTCTTGACACCAAAAATGTCTCT 2160
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 194404 CCTCCCTACTCACTAGGTGCTAGGAGCACTCCCCAGTCTTGACAACCAAAAATGTCTCT 194463

Qy   2161 AAACTTTTGCCACATGTCACCTAGTAGACAAACTCCTGGTTAAGAAGCTCGGGTTGAAAA 2220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 194464 AAACTTTTGCCACATGTCACCTAGTAGACAAACTCCTGGTTAAGAAGCTCGGGTTGAAAA 194523

Qy   2221 AATAAACAAGTAGTGCTGCTGGGGGAGTAGAGGCCAAGAAGTAGGTAATGGGCTCAAGAAGAGGA 2280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 194524 AATAAACAAGTAGTGCTGCTGGGGGAGTAGAGGCCAAGAAGTAGGTAATGGGCTCAAGAAGAGGA 194583

Qy   2281 GCCACAAACAAGGTGTGCAGGCGCCCTGTAGGCTGTGGTGTGAATTCTAGCCAAGGAGTA 2340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 194584 GCCACAAACAAGGTGTGCAGGCGCCCTGTAGGCTGTGGTGTGAATTCTAGCCAAGGAGTA 194643

Qy   2341 ACAGTGATCTCGTCACAGGCTTTTAAAAGATTGCTCTGGCTGTATGTGGAAAGCAGAATG 2400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 194644 ACAGTGATCTGTCACAGGCTTTTAAAAGATTGCTCTGGCTGTATGTGGAAAGCAGAATG 194703

Qy   2401 AAGGGAGCAACAGTAAAAGCAGGGAGCCCAGCCAGAAGCTGTTACACAGTTGCTCCAGGCAAG 2460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 194704 AAGGGAGCAACAGTAAAAGCAGGGAGCCCAGCCAGAAGCTGTTACACAGTTGCTCCAGGCAAG 194763

Qy   2461 AGTAGTTGCAGTGGGCTGGGTGGGAACAGGAGTGACAAACCATTGTCTCCTGAA 2520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 194764 AGTAGTTGCAGTGGGCTGGGTGGGAACAGGAGTGACAAACCATTGTCTCCTGAA 194823

Qy   2521 TATATTCTGAAGGAAGTTGCTGAAGGATTCTATGTTGTGTGAGAGGAAGAAGAATTG 2580
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 194824 TATATTCTGAAGGAAGTTGCTGAAGGATTCTATGTTGTGTGAGAGGAAGAAGAATTGG 194883

Qy   2581 CTGGGTGTAGTAGCTCATGCCAAGGAGGCAAGGAGCAGATTCCTGAGCTCAGGA 2640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 194884 CTGGGTGTAGTAGCTCATGCCAAGGAGGCAAGGAGCAGATTCCTGAGCTCAGGA 194943

Qy   2641 GTTCAAGAGCAACCTGGCAACAACAGCCAAAACCCCTTCTTCTACTACAAAAAATTA 2700
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 194944 GTTCAAGAGCAACCTGGCAACAACAGCCAAAACCCCTTCTTCTACTACAAAAAATTA 195003

Qy   2701 GCTGGGTGTGGTGGCATGCACCTGTGATCCCAGCTACTCGGGAGGCTGAGGTGGGGGTA 2760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195004 GCTGGGTGTGGTGGCATGCACCTGTGATCCCAGCTACTCGGGAGGCTGAGGTGGGGGTA 195063

Qy   2761 TTGCTTGAAGACAGGCAAGCACCCGTGTCTCCCCGACCCCTGAAAAAGAGAGTTAAAGT 2820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195064 TTGCTTGAAGACAGGCAAGCACCCGTGTCTCCCCGACCCCTGAAAAAGAGAGTTAAAGT 195123

Qy   2821 CTAGGTGACAGAGCAAGCACTGTTCACTGTTGAGGCTGCCACTGTACTTCAGC 2880
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195124 CTAGGTGACAGAGCAAGCACTGTTCACTGTTGAGGCTGCCACTGTACTTCAGC 195183

Qy   2881 TGACTTTGTTGTTCTTTATTTAATTTTTATTGGCCTGAGCCAGTGGGTAATTGCCAAT 2940
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195184 TGACTTTGTTGTTCTTTATTTAATTTTTATTGGCCTGAGCCAGTGGGTAATTGCCAAT 195243


Qy   2941 TTCTGAGATGGTGAAGGCAGCAGAGAAAGAGCAGTTTGGGTAAATCAAGGATCTGCATTTGTGA 3000
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195244 TTCTGAGATGGTGAAGGCAGCAGAGAAAGAGCAGTTTGGGTAAATCAAGGATCTGCATTTG 195303

Qy   3001 GGACATGTTAAGTTTGAGATTCCAGTGCTTCAGGCTTCCAGTGCTGAGGCCACATAGGCAGTT 3060
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195304 GGACATGTTAAGTTTGAGATTCCAGTGCTTCAGGCTTCCAGTGCTGAGGCCACATAGGCAGTT 195363

Qy   3061 CAGTGTAAGAAATCAGGACCAAGGCTGGCACAGCGTGGCTCACTCTGTAATCCCAGCACT 3120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195364 CAGTGTAAGAAATCAGGACCAAGGCTGGCACAGCGTGGCTCACTCTGTAATCCCAGCACT 195423

Qy   3121 TTGGTGGCTGAGGCAGTGAGTCATTTGAGGTCAGGAGTTTGAGGACCAAGCTTGGCCAAACA 3180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195424 TTGGTGGCTGAGGCAGTGAGATCATTTGAGGTCAGGAGTTTGAGCAAGCTTGGCCAAACA 195483

Qy   3181 TGGTGAAACCCCATGTCTACTAAAAATACAAAAAATTAGCCTGGTGGTGGCGCCACGCCT 3240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195484 TGGTGAAACCCCATGTCTACTAAAAATACAAAAAATTAGCCTGGTGGTGGCGCCACGCCT 195543

Qy   3241 ATAGTCCCAGGTTTCAGGAGGCTTAGGTAGGAGAATCCCTTGAACCCAGGAGGTGCAGG 3300
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195544 ATAGTCCCAGGTTTCAGGAGGCTTAGGTAGGAGAATCCCTTGAACCCAGGAGGTGCAGG 195603

Qy   3301 TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGATAGAGTGAGACTCTGT 3360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195604 TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGATAGAGTGAGACTCTGT 195663

Qy   3361 CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATTTGGG 3420
          ||||||||||||||||||||||||||                                ||||||||||||||||||||
Db 195664 CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATTTGGG 195723

Qy   3421 TCTAATTGCCCTGAGCACCAACTCCTGAGTTCAACTGAGTGGAGTCGTGTCTAATCATGGAATAGGAT 3480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195724 TCTAATTGCCCTGAGCACCAACTCCTGAGTTCAACTGAGTCGTGTCTAATCATGGAATAGGAT 195783

Qy   3481 ATTTTCTAGAATCCACCAGCTTTAGTGGAGTCGTGGCAGCGTGTCTAATCATGAGTGAGTATTGGAATAGGAT 3540
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195784 ATTTTCTAGAATCCACCAGCTTTAGTGGAGTCGTGTCTAATCATGAGTGAGTATTGGAATAGGAT 195843

Qy   3541 CTGGGGGCAGTGAGGGGGTGGCAGCCCACGCGTGGCAGAAAAGCAACAGGAAAGAGC 3600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195844 CTGGGGGCAGTGAGGGGGTGGCAGCCCACGCGTGGCAGAAAAGCAACAGGAAAGAGC 195903

Qy   3601 ACCCAGGACTGTCATATGGAAGAAAGACAGGACTGCAACTCACCCTTCACAAAATGAGGA 3660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195904 ACCCAGGACTGTCATATGGAAGAAAGACAGGACTGCAACTCACCCTTCACAAAATGAGGA 195963

Qy   3661 CCAGACCAGCTGATGGTATGGCAGTGTGATGCAGGTGTGGAGCCTCAACATCCTGCTCCC 3720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195964 CCAGACACAGCTGATGGTATGGCAGTGTGATGCAGGTGTGGAGCCTCAACATCCTGCTCCC 196023

Qy   3721 CTCCTACTACACATGGTTAAGGCCTGTTGCTCTGTCTCCCAGGTTCACCACTTCTGCTACTA 3780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196024 CTCCTACTACACATGGTTAAGGCCTGTTGCTCTGTCTCCCAGGTTCACCACTTCTGCTACTA 196083

Qy   3781 CCTCTTCATGGGTGCCTCAGACGACGACCTTGGTCTTCCTTGTTGAAGCTTTGGGCTA 3840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196084 CCTCTTCATGGGTGCCTCAGACGACGACCTTGGTCTTCCTTGTTGAAGCTTTGGGCTA 196143

Qy   3841 CGTGGATGACCAGCTGTTCGTGTTCATGATCATGAGATGGCTCCGTGTGGAGCCCCGAAC 3900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196144 CGTGGATGACCAGCTGTTCGTGTTCATGATCATGAGATGGCTCCGTGTGGAGCCCCGAAC 196203

Qy   3901 TCCATGGTTTCCAGTAGAATTTCAAGCCAGATGTGTCGCAGCTGGAAAATCAACCACAG 3960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196204 TCCATGGTTTCCAGTAGAATTTCAAGCCAGATGTGTCGCAGCTGGAAAATCAACCACAG 196263

Qy   3961 AGGGTGGGATCACATGTTCACTGTTGACTTATTATGGAAAATCAACCACAG 4020
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196264 AGGGTGGGATCACATGTTCACTGTTGACTTATTATGGAAAATCAACCACAG 196323
```

```
Qy      4021 CAAGGGTATGTGGAGAGGGGCCTCACCTTCCTGGAGGCTTTGTCAGAGCTTTCATCTTTTC 4080
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    196324 CAAGGGTATGTGGAGAGGGGCCTCACCTTCCTGGAGGCTTTGTCAGAGCTTTCATCTTTTC 196383

Qy      4081 ATGCATCTTGAAGGAAACAGCTGGAGTCTGAGTCTTGTGTGGGAGCAGGAGAGGGAAG 4140
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    196384 ATGCATCTTGAAGGAAACAGCTGGAGTCTGAGTCTTGTGTGGGAGCAGGAGAGGGAAG 196443

Qy      4141 GAATTTGCTTCCTGAGATCATTGGTCCTTGGGATGGTGAAATAGGGACCTATTCCTT 4200
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    196444 GAATTTGCTTCCTGAGATCATTGGTCCTTGGGATGGTGAAATAGGGACCTATTCCTT 196503

Qy      4201 TGGTTGCAGTTAACAAGGCTGGGGATTTTCCAGAGTCCCACACCCTGCAGGTCATCCTG 4260
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    196504 TGGTTGCAGTTAACAAGGCTGGGGATTTTCCAGAGTCCCACACCCTGCAGGTCATCCTG 196563

Qy      4261 GGCTGCGAAATGCAAGAGACAACAGTACCGAGGGCTACTGAAGTACGGGTATGATGGG 4320
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    196564 GGCTGCGAAATGCAAGAGACAACAGTACCGAGGGCTACTGAAGTACGGGTATGATGGG 196623

Qy      4321 CAGGACCACCTTGAATTCTGCCCTGACACACTGGATTGGAGCAGCAGCAGAACCCAGGGCC 4380
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    196624 CTGGAGGAGGGACTGCGCCTGCACAGTGCCCTGCACAGTGGATTGGAGCAGCAGCAGAACCCAGGGCC 196683

Qy      4381 TGGCCCACCAAGCTGGAAGCTGGAAAGGCACAAGATTCGGGCCAGGCAGAACAGGGCCTAC 4440
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    196684 TGGCCCACCAAGCTGGAAGCTGGAAAGGCACAAGATTCGGGCCAGGCAGAACAGGGCCTAC 196743

Qy      4441 CTGGAGAGGGACTGCCCTGCACAGCTGCAGCAGTTGCTGGAGCTGGGGAGAGTGTTTTG 4500
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    196744 CTGGAGAGGGACTGCCCTGCACAGCTGCAGCAGTTGCTGGAGCTGGGGAGAGTGTTTTG 196803

Qy      4501 GACCAACAAGGTATGGTGGAAAACACACACTTCGGGCTGCTGAGGCTGTGTGCCTC 4560
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    196804 GACCAACAAGGTATGGTGGAAAACACACACTTCGGGCTGCTGAGGCTGTGTGCCTC 196863

Qy      4561 AGGTTGCAGGGCACGGAATCCTGGTTGGAGTTTCAGAGTTGGGAGTTTCAGAGGCTGTGTGCCTC 4620
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    196864 AGGTTGCAGGGCACGGAATCCTGGTTGGAGTTTCAGAGTTGGGAGTTTCAGAGGCTGTGTGCCTC 196923

Qy      4621 TCCAAATTCTGGGAAGGGACTTTCTCAATCCTAGAGTCTCTCACCTTATAATTGAGATGTA 4680
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    196924 TCCAAATTCTGGGAAGGGACTTTCTCAATCCTAGAGTCTCTCACCTTATAATTGAGATGTA 196983

Qy      4681 TGAGACAGCCAAGTCATGGGAAGGGCACACGGTTGGGGCACGGTTGGGGCTCAAAGGGAA 4740
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    196984 TGAGACAGCCAAGTCATGGGAAGGGCACACGGTTGGGGCACGGTTGGGGCTCAAAGGGAA 197043

Qy      4741 GTGTCTATGGGCCCTTGCTTTTATTTAACCAATAATCTTTGTATATTTTGTATATTTATACCTGTTAA 4800
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    197044 GTGTCTATGGGCCCTTGCTTTTATTTAACCAATAATCTTTGTATATTTTGTATATTTATACCTGTTAA 197103

Qy      4801 AAATTCAGAAATGTCAAGGCACGGTGGCTCACCCTGTAATCCCAGCACTTTGGG 4860
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    197104 AAATTCAGAAATGTCAAGGCACGGTGGCTCACCCTGTAATCCCAGCACTTTGGG 197163

Qy      4861 AGGCCGAGGCCGGTGGCGTGGTGCACAAGGTCAGGAGTTTGAGACCAGCCTGACCAACATGGTGAA 4920
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    197164 AGGCCGAGGCCGGTGGCGTGGTGCACAAGGTCAGGAGTTTGAGACCAGCCTGACCAACATGGTGAA 197223

Qy      4921 ACCCGTCTCTAAAAAAATACAAAAAATTAGCTGGTCACAGTCATGCGCACCTGTAGTCCCA 4980
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    197224 ACCCGTCTCTAAAAAAATACAAAAAATTAGCTGGTCACAGTCATGCGCACCTGTAGTCCCA 197283

Qy      4981 GCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGCAGCATGCGTGGGCCATGCGTGGGAAGCGGAAGTTGCACTGA 5040
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    197284 GCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGCAGCATGCGTGGGCCATGCGTGGGAAGCGGAAGTTGCACTGA 197343

Qy      5041 GCCAAGATCGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGCGACAGAGTGAGACTCCATCTTAAAAAA 5100
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    197344 GCCAAGATCGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGCGACAGAGTGAGACTCCATCTTAAAAAA 197403

Qy      5101 AAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAGAATTCAGAGATCTCAGCTATCATATGAATCACCAGGACAAA
```

```
Db    197404 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
             AAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAGAATTCAGAGATCTCAGCTATCATATGAATCACCAGGACAAA 197463

Qy      5161 ATATCAGTGAGGCCACTTATCATCAGAGTAGAAGAATCCTTTAGGTTAAAAGTTTCTTCAT 5220
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    197464 ATATCAGTGAGGCCACTTATCATCAGAGTAGAAGAATCCTTTAGGTTAAAAGTTTCTTCAT 197523

Qy      5221 AGAACATAGCAATAATCACTGAAGCTACCTATCTTCACAAGTCCGCTTCTTATAACAATGC 5280
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    197524 AGAACATAGCAATAATCACTGAAGCTACCTATCTTCACAAGTCCGCTTCTTATAACAATGC 197583

Qy      5281 CTCCTAGGTTGACCCAGTGAAACTGACCATCATTTTCAATCATTTTCAATGCACATAA 5340
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    197584 CTCCTAGGTTGACCCAGTGAAACTGACCATCATTTTCAATCATTTTCAATGCACATAA 197643

Qy      5341 AGGGCAATTTTATCTATCAGAACAAAGAACATGGTAACAGATATGTATATTTACATGTG 5400
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    197644 AGGGCAATTTTATCTATCAGAACAAAGAACATGGTAACAGATATGTATATTTACATGTG 197703

Qy      5401 AGGAGACAAAGCTGATCTGACTGCTCTCCAAGTGACACTGTGTTGAGTCCAATCTTAGG 5460
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    197704 AGGAGACAAAGCTGATCTGACTGCTCTCCAAGTGACACTGTGTTGAGTCCAATCTTAGG 197763

Qy      5461 ACACAAAATGGTGTCTCCTCCGTAGCTTGTGTTTTTCTGAAAAGGGTATTCCTTCCTCC 5520
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    197764 ACACAAAATGGTGTCTCCTCCGTAGCTTGTGTTTTTCTGAAAAGGGTATTCCTTCCTCC 197823

Qy      5521 AACCTATAGAAGAAGTGAAAGTTCCAGTCTTCCTGGCAAGGTAAACAGATCCCCTCTC 5580
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    197824 AACCTATAGAAGAAGTGAAAGTTCCAGTCTTCCTGGCAAGGTAAACAGATCCCCTCTC 197883

Qy      5581 CTCATCCTTCCTCTTTCCTGTCAAGTGCCTCCTTGGTGAAGTGACACATCATGTGACC 5640
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    197884 CTCATCCTTCCTCTTTCCTGTCAAGTGCCTCCTTGGTGAAGTGACACATCATGTGACC 197943

Qy      5641 TCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGCGGGCCTGAACTACTACCCCCAGAACATCACCATG 5700
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    197944 TCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGCGGGCCTGAACTACTACCCCCAGAACATCACCATG 198003

Qy      5701 AAGTGGCTGAAGAATAAGCAGCCAATGGATGAGCTGGATAAGCCTAAAGACTATTG 5760
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    198004 AAGTGGCTGAAGAATAAGCAGCCAATGGATGAGCTGGATAAGCCTAAAGACTATTG 198063

Qy      5761 CCCAATGGGATGGGATGTGAGCTACCAGGTGGAGCAACCCAGGCCTGAGAAAATCATTGGGGGTTGATCTGG 5820
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    198064 CCCAATGGGATGGGATGTGAGCTACCAGGTGGAGCAACCCAGGCCTGAGAAAATCATTGGGGGTTGATCTGG 198123

Qy      5821 CAGAGATATACGTACCTGCCAGGTGGAGCTGAGAGCCAGGAGCTGAGAAAATCATTGGGGGTTGATCTGG 5880
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    198124 CAGAGATATACGTACCTGCCAGGTGGAGCTGAGAGCCAGGAGCTGAGAAAATCATTGGGGGTTGATCTGG 198183

Qy      5881 GGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGCTGCTCTTGTTGGGGGTTGAGGGGGTTGAGGGCTGAGG 5940
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    198184 GGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGCTGCTCTTGTTGGGGGTTGAGGGGGTTGAGGGCTGAGG 198243

Qy      5941 TGAGGAGGTAATTATGGCAGTGAGATGAGGATCTGCTCTTGTTTGTTTAGAGCCCTCACCGTCGGCACCC 6000
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    198244 TGAGGAGGTAATTATGGCAGTGAGATGAGGATCTGCTCTTGTTTGTTTAGAGCCCTCACCGTCGGCACCC 198303

Qy      6001 GTGGCAATCAAAGGCTTAAACTTGCTTTTCTGTTTGTTTCGTGTTTTGTCGTCGTGCGCACCC 6060
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    198304 GTGGCAATCAAAGGCTTAAACTTGCTTTTCTGTTTGTTTCGTGTTTTGTCGTCGTGCGCACCC 198363

Qy      6061 TAGTCATTGGAGTCATCAGTGGAATTGCTGTTTTGCTGTCATCTTGTCATTGGGAATTT 6120
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    198364 TAGTCATTGGAGTCATCAGTGGAATTGCTGTTTTGCTGTCATCTTGTCATTGGGAATTT 198423

Qy      6121 TGTTCATAATTAAGGAAGACGACAGGGTTCAAGTGAGTAGGAACAAGGGGAAGTCTCT 6180
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    198424 TGTTCATAATTAAGGAAGACGACAGGGTTCAAGTGAGTAGGAACAAGGGGAAGTCTCT 198483

Qy      6181 TAGTACCTCTGCCCAGGCAGATCTCAGCTATCATATGAATCACCAGGACAAA 6240
```

Mon Jul 9 10:09:31 2001

us-09-497-957-3.rni

```
Db 198484  TAGTACCTCTGCCCCAGGGCACAGTGGGAGAGGGGCGAGAGGGGATCTGGCATCCATGGG  198543

Qy   6241  AAGCCATTTTTCTCATTTATATTCTTTGGGACACCAGCTCCCTGGGAGACACAGAAAAT   6300
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 198544  AAGCCATTTTTCTCATTTATATTCTTTGGGACACCAGCTCCCTGGGAGACACAGAAAAT  198603

Qy   6301  AATGGTTCTCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCAACAAACATCTTCAGAGCACCTACTAT   6360
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 198604  AATGGTTCTCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCAACAAACATCTTCAGAGCACCTACTAT  198663

Qy   6361  TTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTAGTACAGGGGCTTTGAGGTTGAGAGTCACTGTGGCTAT   6420
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 198664  TTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTAGTACAGGGGCTTTGAGGTTGAGAGTCACTGTGGCTAT  198723

Qy   6421  TCTCAGAACCCAAATCTGGTAGGGAATGAAATTGATAGGCAAGTAAATGTAGTTAAAGAAG   6480
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 198724  TCTCAGAACCCAAATCTGGTAGGGAATGAAATTGATAGCAAGTAAATGTAGTTAAAGAAG  198783

Qy   6481  ACCCCATGAGGTCCTAAAGCAGGCAGGAGGCAAATGCTTAGGGTGTCAAAGGAAAGAATG   6540
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 198784  ACCCCATGAGGTCCTAAAGCAGGCAGGAGGCAAATGCTTAGGGTGTCAAAGGAAAGAATG  198843

Qy   6541  ATCACATTCAGCTGGGGATCAAGATAGCCTTCTGGATCTTGAAGGAGAAGCTGGATTCCA   6600
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 198844  ATCACATTCAGCTGGGGATCAAGATAGCCTTCTGGATCTTGAAGGAGAAGCTGGATTCCA  198903

Qy   6601  TTAGGTGAGGTTGAAGATGATGGGAGGTCTCACACAGACCGGAGCAACCATGCCAAGTAGGA   6660
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 198904  TTAGGTGAGGTTGAAGATGATGGGAGGTCTCACACAGACCGGAGCAACCATGCCAAGTAGGA  198963

Qy   6661  GAGTATAAGGCATACTGGGAGGATTAGAAATAATTACTGTACCTTAACCCTGAGTTTGCGT   6720
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 198964  GAGTATAAGGCATACTGGGAGGATTAGAAATAATTACTGTACCTTAACCCTGAGTTTGCGT  199023

Qy   6721  AGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCTACCCCCTGAACATCTGTGGTGTAGGGAAAAGA   6780
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 199024  AGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCTACCCCCTGAACATCTGTGGTGTAGGGAAAAGA  199083

Qy   6781  GAATCAGAAAGAAGCCAGCTCATCACAGAGTCTCCAAGGGTCTTTTGGGATATTGGGTTATGA   6840
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 199084  GAATCAGAAAGAAGCCAGCTCATCACAGAGTCTCCAAGGGTCTTTTGGGATATTGGGTTATGA  199143

Qy   6841  TCACTGGGGTGTCATTGAAGGATCCTAAGAAAGAGGACCACCAGATCTCCCTTATATGGTG   6900
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 199144  TCACTGGGGTGTCATTGAAGGATCCTAAGAAAGAGGACCACCAGATCTCCCTTATATGGTG  199203

Qy   6901  AATGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGAGTTGAGGAGAGCCAGTTAGAAAGCCAATAAAGCAT   6960
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 199204  AATGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGAGTTGAGGAGAGCCAGTTAGAAAGCCAATAAAGCAT  199263

Qy   6961  TTTCCAGATGAGAGATAATGTTCTTGAAATCCAATAGTGCCCAGGTCTAAATTGAGATGG   7020
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 199264  TTTCCAGATGAGAGATAATGTTCTTGAAATCCAATAGTGCCCAGGTCTAAATTGAGATGG  199323

Qy   7021  GTGAATGAGGGAAAATAAGGAGAGAGAGAGAGAGAGCAAGATGGTGCCTAGGTTGTGATGGCCT   7080
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 199324  GTGAATGAGGGAAAATAAGGAGAGAGAGAGAGAGAGCAAGATGGTGCCTAGGTTGTGATGGCCT  199383

Qy   7081  CTTTCCTCGGGTCTCTGTCTCCACAGGAGAGCCATGGGAAGGAGACAAAAACTAGAGACTCAAAGA   7140
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 199384  CTTTCCTCGGGTCTCTGTCTCCACAGGAGAGCCATGGGAAGGAGACAAAAACTAGAGACTCAAAGA  199443

Qy   7141  TGAGTGACACGCAGCTTATGAGCTCTTACTGTGGGGCACTACGTCTTAGCTGACAACG   7200
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 199444  TGAGTGACACGCAGCTTATGAGCTCTTACTGTGGGGCACTACGTCTTAGCTGACAACG  199503

Qy   7201  GGGAGTGCATTTATGAGCTCTTGTCATTTCTGTCATTTCTGTTCATTTCCTCAAAAAGATTTCCCCAT   7260
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 199504  GGGAGTGCATTTATGAGCTCTTGTCATTTCTGTCATTTCTGTTCATTTCCTCAAAAAGATTTCCCCAT  199563

Qy   7261  GCCTGACGAACTCCTTGATTTTAGCCTTCGTCATTTCCTCGTTCATTTCCTCAAAAAAGATTTCCCCAT   7320
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 199564  GCCTGACGAACTCCTTGATTTTAGCCTTCGTCATTTCCTCGTTCATTTCCTCAAAAAAGATTTCCCCAT  199623
```

```
Qy   7321  TTAGGTTTCTGAGTTCCTGCGATGCCGATGCCGGTGGTGACCTCTCCCCTGAACTG   7380
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 199624  TTAGGTTTCTGAGTTCCTGCGATGCCGATGCCGGTGGTGACCTCTCCCCTGAACTG  199683

Qy   7381  TCTCTCATGAACCTCAAGCTGCATCGTGCAGCTGCATCTAGAGGCTTCCTTCCGTCATTTCCGTCAGAG   7440
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 199684  TCTCTCATGAACCTCAAGCTGCATCGTGCAGCTGCATCTAGAGGCTTCCTTCCGTCATTTCCGTCAGAG  199743

Qy   7441  ACATACACCTATGTCATTTCCTATTTTTGGAAGAGGACTCCTTAAATTTGGGGA   7500
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 199744  ACATACACCTATGTCATTTCCTATTTTTGGAAGAGGACTCCTTAAATTTGGGGA  199803

Qy   7501  CTTACATGATTCATTTAACATCTGAGAAAAGCTTGAACCCTGGGACGTGGCTAGTCAT   7560
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 199804  CTTACATGATTCATTTAACATCTGAGAAAAGCTTGAACCCTGGGACGTGGCTAGTCAT  199863

Qy   7561  AACCTTACCAGATTTTTACACATGTATCTATGCATTTTCTGGACCCGTTCAACTTTTCCT   7620
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 199864  AACCTTACCAGATTTTTACACATGTATCTATGCATTTTCTGGACCCGTTCAACTTTTCCT  199923

Qy   7621  TTGAATCCTCTCTCTGTGTTACCCAGTAACTCATCTGTCACCAGCCTTGGGGATTCTTC   7680
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 199924  TTGAATCCTCTCTCTGTGTTACCCAGTAACTCATCTGTCACCAGCCTTGGGGATTCTTC  199983

Qy   7681  CATCTGATTGTGATGTGAGTTGCACAGCTATGAGAGGCTATCTGTGGGTAGTAGTATGATGGGAGTGTTTTTAGC   -7740
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 199984  CATCTGATTGTGATGTGAGTTGCACAGCTATGAGAGGCTATCTGTGGGTAGTAGTATGATGGGAGTGTTTTTAGC  200043

Qy   7741  GCACCTGTCCCAGAAAAAGCATCATGGCTATCTGTGGGTAGTAGTATGATGGGGTGTGTTTTTAGC   7800
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 200044  GCACCTGTCCCAGAAAAAGCATCATGGCTATCTGTGGGTAGTAGTATGATGGGGTGTGTTTTTAGC  200103

Qy   7801  AGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGGTTGTGAAGAGGTGTTTTTCTAATTGGCATGA   7860
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 200104  AGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGGTTGTGAAGAGGTGTTTTTCTAATTGGCATGA  200163

Qy   7861  AGGTGTCATACAGATTGCAAAGTTAATGGTGCCTTCATTGGGATGCTACTCTAGTAT   7920
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 200164  AGGTGTCATACAGATTGCAAAGTTAATGGTGCCTTCATTGGGATGCTACTCTAGTAT  200223

Qy   7921  TCCAGACCTGAAGAATCACAATAATTTCTACCTGGTCTCCTCCTGTGTTCTGTAATGAAA   7980
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 200224  TCCAGACCTGAAGAATCACAATAATTTCTACCTGGTCTCCTCCTGTGTTCTGTAATGAAA  200283

Qy   8041  ATTATGATAAGGATGATAAAAGCACTTACTTCGTGTCCGACTCTTCTGAGCACCTACTTA   8100
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 200284  ATTATGATAAGGATGATAAAAGCACTTACTTCGTGTCCGACTCTTCTGAGCACCTACTTA  200343

Qy   8100  CATGCCATTACTGCGATGCCACTTCTTACAATAATTCTATGAGATAGGTACTATTATCCCCAT   8100
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 200344  CATGCCATTACTGCGATGCCACTTCTTACAATAATTCTATGAGATAGGTACTATTATCCCCAT  200403

Qy   8101  TTCTTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGTAGGCCGGCCACGGTGGCTCACGCCTGTAATCCC   8160
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 200404  TTCTTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGTAGGCCGGCCACGGTGGCTCACGCCTGTAATCCC  200463

Qy   8161  AGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGTGGATCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCCTGGC   8220
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 200464  AGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGTGGATCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCCTGGC  200523

Qy   8221  TAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGCAG   8280
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 200524  TAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGCAG  200583

Qy   8281  ACGGCTTGCAGTGCCGAGTTGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGCGACAGAGTGAGA   8340
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 200584  ACGGCTTGCAGTGCCGAGTTGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGCGACAGAGTGAGA  200643

Qy   8341  CAGAGCTTGCAGTGCCGAGTTGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGCGACAGAGTGAGA   8400
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 200644  CAGAGCTTGCAGTGCCGAGTTGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGCGACAGAGTGAGA  200703
```

Left column:

```
Qy   8401 CTCCATCTCAAAAAAATAAAATAAAATAAAATAAAAAATGAAAAAAAGAAAGTGAAGTA 8460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||
Db 200704 CTCCATCTCAAAAAAATAAAATAAAATAAAATAAAAAATGAAAAAAAGAAAGTGAAGTA 200763

Qy   8461 TAGAGTATCTCATAGTTTGTCAGTGATGAGAAACAGGTTCAAACTCAGTCAATCTGACCG 8520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 200764 TAGAGTATCTCATAGTTTGTCAGTGATGAGAAACAGGTTCAAACTCAGTCAATCTGACCG 200823

Qy   8521 TTTGATACATCTCAGACACCACTACATTCAGTAGTTTGAGATGCCTAGAATAAATAGAGAA 8580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 200824 TTTGATACATCTCAGACACCACTACATTCAGTAGTTTGAGATGCCTAGAATAAATAGAGAA 200883

Qy   8581 GGAAGGAGATGGCTCTTCTGTCTTCTGTTCTTCTGAGTGAGCTTGAATCACAT 8640
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 200884 GGAAGGAGATGGCTCTTCTGTCTTCTGTTCTTCTGAGTGAGCTTGAATCACAT 200943

Qy   8641 GAAGGGAACAGCAGAAAAACAACCAACTGATCCTCAGCTCTGTTTCCTTTAAAAGTC 8700
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 200944 GAAGGGAACAGCAGAAAAACAACCAACTGATCCTCAGCTCTGTTTCCTTTAAAAGTC 201003

Qy   8701 CCTGAAGGAAGGTCCTGGAAGTGACTCCCTTGCTCCTCTTGTTGCTCTGTTTGGCATTCA 8760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201004 CCTGAAGGAAGGTCCTGGAAGTGACTCCCTTGCTCCTCTTGTTGCTCTGTTTGGCATTCA 201063

Qy   8761 TTTCTTTGGACCCTACGCAAGGACTGTAATTGGTGGGGGACAGCTAGTGGCCCTGCTGGGC 8820
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201064 TTTCTTTGGACCCTACGCAAGGACTGTAATTGGTGGGGGACAGCTAGTGGCCCTGCTGGGC 201123

Qy   8821 TTCACACACGGTGTCCTCCCTCCTAGGCCAGTGCCTCTGGAGTCAGAACTCTGGTGTATTTC 8880
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201124 TTCACACACGGTGTCCTCCCTCCTAGGCCAGTGCCTCTGGAGTCAGAACTCTGGTGTATTTC 201183

Qy   8881 CCTCAATGAAGTGAGTAAGCTCTCTCATTTGAGATGTATAATGAAGCCACCAAGTG 8940
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201184 CCTCAATGAAGTGAGTAAGCTCTCTCATTTGAGATGTATAATGAAGCCACCAAGTG 201243

Qy   9001 GCTTAGGAGGATGCCCAGGTCCTTCCATGGAGCCACTGGGGTTCCGGTGCACATTAAAAAA 9000
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201244 GCTTAGGAGGATGCCCAGGTCCTTCCATGGAGCCACTGGGGTTCCGGTGCACATTAAAAAA 201303

Qy   9001 AAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCTAGATTCTGGGAAATCTGGAGTCAGTTCA 9060
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201304 AAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCTAGATTCTGGGAAATCTGGAGTCAGTTCA 201363

Qy   9061 AAAGTGTCTTTTTTTTTTTTTTGAGACTTCAGGCCTCTATTGCCCAGGCTGTCTCGTGATCGGCATGAT 9120
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201364 AAAGTGTCTTTTTTTTTTTTTTGAGACTTCAGGCCTCTATTGCCCAGGCTGTCTCGTGATCGGCATGAT 201423

Qy   9121 CTCGGCTCACTGTAACCCTCGCCCCCAAGTGCTGAGATTACAGGTGTGAGCCACCCTCAGCCTCCCA 9180
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201424 CTCGGCTCACTGTAACCCTCGCCCCCAAGTGCTGAGATTACAGGTGTGAGCCACCCTCAGCCTCCCA 201483

Qy   9181 AGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCACGCCCGGCTAATTTTGTATTTTTAGTAGA 9240
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201484 AGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCACGCCCGGCTAATTTTGTATTTTTAGTAGA 201543

Qy   9241 GACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCCTGACCTCGTGATCCGCC 9300
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201544 GACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCCTGACCTCGTGATCCGCC 201603

Qy   9301 TGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGTGTGAGCCACCACCCTGCCCAGCCGTCAAA 9360
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201604 TGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGTGTGAGCCACCACCCTGCCCAGCCGTCAAA 201663

Qy   9361 AGAGTCTTAATATATATCCAGATGGCATGTGTTTACTTTATGTTACTACATGCACTTG 9420
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201664 AGAGTCTTAATATATATATCCAGATGGCATGTGTTTACTTTATGTTACTACATGCACTTG 201723

Qy   9421 GCTGCATAAATGTGTACAAAGCATTCTGTCTGTCTGGAAGGGCAGGTGCTTCAGGATACCCATAT 9480
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201724 GCTGCATAAATGTGTACAAAGCATTCTGTCTGTCTGGAAGGGCAGGTGCTTCAGGATACCCATAT 201783

Qy   9481 ACAGGTCAGAAGTTTCTTCTTTAGGCATTAAAATTTTAGCAAAGATATCTCATCTCTTCTT 9540
```

Right column:

```
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201784 ACAGCTCAGAAGTTTCTTCTTTAGGCATTAAAATTTTAGCAAAGATATCTCATCTCTTCTT 201843

Qy   9541 TTAAACCATTTTCTTTTTTCTTTTTTGTGGTTAGAAAAGTTATGTAGAAAAAGTAAATGTGATTT 9600
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201844 TTAAACCATTTTCTTTTTTCTTTTTTGTGGTTAGAAAAGTTATGTAGAAAAAGTAAATGTGATTT 201903

Qy   9601 ACGCTCATTGTGAGAAAAGCTATAAAATGAATACAATTAAAGCTGTTATTAATTAATTGGCCAG 9660
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201904 ACGCTCATTGTGAGAAAAGCTATAAAATGAATACAATTAAAGCTGTTATTAATTAATTGGCCAG 201963

Qy   9661 TGAAAACTATTAACAACTGCTATTACCTGTTAGTATTATTGTCATTAAAAATGCA 9720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201964 TGAAAACTATTAACAACTGCTATTACCTGTTAGTATTATTGTCATTAAAAATGCA 202023

Qy   9721 TATACTTTAATAAATGTATATTGTATTGTATACTGCATGATTTTATTGAAGTCTTGTTC 9780
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202024 TATACTTTAATAAATGTATATTGTATTGTATACTGCATGATTTTATTGAAGTCTTGTTC 202083

Qy   9781 ATCTTGTGTATATACTTAATCGCTTGTCATTTGGACACATTTATTTTGCTTCTAATTT 9840
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202084 ATCTTGTGTATATACTTAATCGCTTGTCATTTGGACACATTTATTTTGCTTCTAATTT 202143

Qy   9841 CTTTACATTTTGTCTTACGGACGAATATTTCATTCAAGTGTAGCCGAATTAATCGTGTTT 9900
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202144 CTTTACATTTTGTCTTACGGACGAATATTTCATTCAAGTGTAGCCGAATTAATCGTGTTT 202203

Qy   9901 TCTTCACTCTAGGGACATTGTCGTCAAGTGTGAAGACATTGGTTATTTTACCAGCAAAAC 9960
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202204 TCTTCACTCTAGGGACATTGTCGTCAAGTGTGAAGACATTGGTTATTTTACCAGCAAAAC 202263

Qy   9961 CATTCTGAAAGCATATGACAAATTATTTCTCTTAATATCTTAATACTGAAAGCTGAAAGCAGA 10020
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202264 CATTCTGAAAGCATATGACAAATTATTTCTCTTAATATCTTAATACTGAAAGCTGAAAGCAGA 202323

Qy  10021 CTGCTATAAGGCTCACTTGTTTATATGGTTTTATTCACATTTTATTCACCTCATAAGGAATATGTTACAATTAATTAATTATT 10080
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202324 CTGCTATAAGGCTCACTTGTTTATATGGTTTTATTCACATTTTATTCACCTCATAAGGAATATGTTACAATTAATTAATTATT 202383

Qy  10081 AGGTAAGCATTGTTTATAATTGGTTTTATTATGGTTAACACATTCACTAACAACATTCAGATTCAAGCAACTGTGGCCT 10140
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202384 AGGTAAGCATTGTTTATAATTGGTTTTATTATGGTTAACACATTCACTAACAACATTCAGATTCAAGCAACTGTGGCCT 202443

Qy  10141 CCAGTCTTCACAGTAACAAACATTCACTAACAACATTCACTAACAACATTCAAGAACACC 10200
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202444 CCAGTCTTCACAGTAACAAACATTCACTAACAACATTCACTAACAACATTCAAGAACACC 202503

Qy  10201 GTTAATTTTTTAATAGAAATTTAAGTCCTCATTTCTTCTTCGGTGTTTTTAAGCTTAA 10260
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202504 GTTAATTTTTTAATAGAAATTTAAGTCCTCATTTCTTCTTCGGTGTTTTTAAGCTTAA 202563

Qy  10261 TTTTTCTGGCTTTATTCATGAAATTCTTAAGGTCAACTACATTTGAAAAATCAAAGACCTG 10320
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202564 TTTTTCTGGCTTTATTCATGAAATTCTTAAGGTCAACTACATTTGAAAAATCAAAGACCTG 202623

Qy  10321 CATTTTAAATTCTTATTCACCCTCTGGCAAAACCATTCACAAACCATGGTAGTAAGAGAA 10380
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202624 CATTTTAAATTCTTATTCACCCTCTGGCAAAACCATTCACAAACCATGGTAGTAAGAGAA 202683

Qy  10381 GGGTGACACCGGTGGCCATAGGTAAATGTACCACGGTGGCCGGTGAGGGCGTGAGGATGCAG 10440
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202684 GGGTGACACCGGTGGCCATAGGTAAATGTACCACGGTGGCCGGTGAGGGCGTGAGGATGCAG 202743

Qy  10441 CGCTGCGAGGGTTTCCTGAAGGTAAAGGAATAAAGAGAATGGGTGGAGGGGCGTGCACTTG 10500
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202744 CGCTGCGAGGGTTTCCTGAAGGTAAAGGAATAAAGAGAATGGGTGGAGGGGCGTGCACTTG 202803

Qy  10501 ATCACTTGTAGAGAAAGCCCTGAAAATTTGAGAAAAACAAACAAAGAGAACTACTTACCAG 10560
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202804 ATCACTTGTAGAGAAAGCCCTGAAAATTTGAGAAAAACAAACAAAGAGAACTACTTACCAG 202863

Qy  10561 CTATTTGAATTGCTGGAATCACAGCCATTGCTGAGCTCGCTTATT 10620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Matches 10824;   Conservative 0;   Mismatches 0;   Indels 0;   Gaps 0:

Qy       1 TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTAAATGTATGATTGAATTTGAAAATCATAAATATTTA  60
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  192304 TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTAAATGTATGATTGAATTTGAAAATCATAAATATTTA  192363

Qy      61 AATATCTAAAGTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTTCCCAATCAACACACCCCT  120
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  192364 AATATCTAAAGTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTTCCCAATCAACACACCCCT  192423

Qy     121 TCAGGATTTAAAAACCAAGGGGACACTGGTCTTCACAAGCAGTACTT  180
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  192424 TCAGGATTTAAAAACCAAGGGGACACTGGTCTTCACAAGCAGTACTT  192483

Qy     181 CTGCTGTAGGAGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTTGCTTTTCACCAGGAAGT  240
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  192484 CTGCTGTAGGAGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTTGCTTTTCACCAGGAAGTT 192543

Qy     241 TTACTGGGCATCTCCTGAGCCTAGGCAATAGCTGTAGGGTGACTTCTGGAGCCATCCCG  300
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  192544 TTACTGGGCATCTCCTGAGCCTAGGCAATAGCTGTAGGGTGACTTCTGGAGCCATCCCG  192603

Qy     301 TTTCCCGCCCCCAAAAGAAGCCGGAGATTTAACGGGACGTGCGGCCAGAGCTGGGGAA  360
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  192604 TTTCCCGCCCCCAAAAGAAGCCGGAGATTTAACGGGACGTGCGGCCAGAGCTGGGGAA  192663

Qy     361 ATGGGCCCGGAGCCAGGCCGGCGCCTTCTCCCTGATGTGCTTTTGCGACCGGCCGTCCTG  420
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  192664 ATGGGCCCGGAGCCAGGCCGGCGCCTTCTCCCTGATGTGCTTTTGCGACCGGCCGTCCTG  192723

Qy     421 CAGGGGCGCTTGCTGCGTGAGTCCGAGGCGTGCGGGGAACTAGGGGCGCGGGGGGTG  480
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  192724 CAGGGGCGCTTGCTGCGTGAGTCCGAGGCGTGCGGGGAACTAGGGGCGCGGGGGGTG  192783

Qy     481 GAAAAATCGAAACTAGCTTTTCTTTGCGCTTGGGAGTTTGCTAACTTTGGAGGACCTGC  540
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  192784 GAAAAATCGAAACTAGCTTTTCTTTGCGCTTGGGAGTTTGCTAACTTTGGAGGACCTGC  192843

Qy     541 TCAACCCTATCCGCAAGCCCCTCTCCGTCCAGACCCCGTGAGGGAGTGC  600
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  192844 TCAACCCTATCCGCAAGCCCCTCTCCGTCCAGACCCCGTGAGGGAGTGC  192903

Qy     601 CTACCACTGAACTCGAGTAGGGTCCCTCGCGCCCCAGGACCTGCCCCCTCCCCCGGCTGT  660
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  192904 CTACCACTGAACTCGAGATGCGGGTCCCTCGCGCCCCAGGACCTGCCCCCTCCCCCGGCTGT  192963

Qy     661 CCCGGCTGTCGCGGAGTGACTTTTGGAACCGCCCACTCCCTTCCCCAACTAGAATGCTTT  720
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  192964 CCCGGCTGTCGCGGAGTGACTTTTGGAACCGCCCACTCCCTTCCCCAACTAGAATGCTTT  193023

Qy     721 TAAATAAATCTGTAGTTCCTCACTTGAGCTGAGCTAAGCTCGGGCGTCCTTGAACCTGG  780
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  193024 TAAATAAATCTGTAGTTCCTCACTTGAGCTGAGCTAAGCTCGGGCGTCCTTGAACCTGG  193083

Qy     781 AACTCGGGTTTATTTCCAATGTCAGCTGTCAGCTGTGCAGTTTTTTCCCAGTCATCTCCAAAACAGG  840
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  193084 AACTCGGGTTTATTTCCAATGTCAGCTGTCAGCTGTGCAGTTTTTTCCCAGTCATCTCCAAAACAGG  193143

Qy     841 AAGTTCTCCCTGAGTGCTTGCCGAGAGGCTGAGCAAACCCACAGCAGGATCCGCACGG  900
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  193144 AAGTTCTCCCTGAGTGCTTGCCGAGAGGCTGAGCAAACCCACAGCAGGATCCGCACGG  193203

Qy     901 GGTTTCCACCTCAGAACGAATGCGTTGGGCGTGGGCGTGGGCGGCGAAAGAGTGGGGA  960
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  193204 GGTTTCCACCTCAGAACGAATGCGTTGGGCGTGGGCGTGGGCGGCGAAAGAGTGGGGA  193263

Qy     961 TCTGAATTCTTCACCATTCCACCCACTTTTGGTGAGACCTGGGGTGAGGTCTCTAGGGT  1020
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  193264 TCTGAATTCTTCACCATTCCACCCACTTTTGGTGAGACCTGGGGTGAGGTCTCTAGGGT  193323

Qy    1021 GGGAGGCTCCTGAGAGAGCCTACCTCCGGGCCTTTCCCCACTCTTGGCAATTGTTCTTTT  1080
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  193324 GGGAGGCTCCTGAGAGAGCCTACCTCCGGGCCTTTCCCCACTCTTGGCAATTGTTCTTTT  193383
```

```
Db  202864 CTATTTGAATTGCTGAATCACAGGCCATTGCTGAGCTGCCTGAACTGGAACACAACAG  202923
Qy   10621 AAGGAAAACAAAACCACTCTGATAATCATTGAGTCAGCTACAGCAGGTGATTGAGGACTGC  10680
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  202924 AAGGAAAACAAAACCACTCTGATAATCATTGAGTCAGCTACAGCAGGTGATTGAGGACTGC  202983

Qy   10681 TGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTTATGTTGTATTATAATAATGTCATCTTATAATACTGT  10740
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  202984 TGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTTATGTTGTATTATAATAATGTCATCTTATAATACTGT  203043

Qy   10741 CAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTCACACACATTTAAAAACAAAACACTGTCTC  10800
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  203044 CAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTCACACACATTTAAAAACAAAACACTGTCTC  203103

Qy   10801 TAAAATCCCCAAATTTTCATAAAC  10825
           ||||||||||||||||||||||||
Db  203104 TAAAATCCCCAAATTTTCATAAAC  203128
```

RESULT 12
US-08-724-394A-22
; Sequence 22, Application US/08724394A
; Patent NO. 5872237
GENERAL INFORMATION:
 ;   APPLICANT: Feder, John N.
 ;   APPLICANT: Kronmal, Gregory S.
 ;   APPLICANT: Lauer, Peter M.
 ;   APPLICANT: Ruddy, David A.
 ;   APPLICANT: Thomas, Winston
 ;   APPLICANT: Tsuchihashi, Zenta
 ;   APPLICANT: Wolff, Roger K.
 ;   TITLE OF INVENTION: Megabase Transcript Map: No. 5872237e1
 ;   TITLE OF INVENTION: Sequences and Antibodies Thereto
 ;   NUMBER OF SEQUENCES: 31
 ;   CORRESPONDENCE ADDRES:
 ;   ADDRESSEE: TOWNSEND and TOWNSEND and CREW LLP
 ;   STREET: Two Embarcadero Center, 8th Floor
 ;   CITY: San Francisco
 ;   STATE: CA
 ;   COUNTRY: USA
 ;   ZIP: 94111-3834
 ;   COMPUTER READABLE FORM:
 ;   MEDIUM TYPE: Floppy disk
 ;   COMPUTER: IBM PC compatible
 ;   OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
 ;   SOFTWARE: Patentin Release #1.0, Version #1.30
 ;   CURRENT APPLICATION DATA:
 ;   APPLICATION NUMBER: US/08/724,394A
 ;   FILING DATE: 01-OCT-1996
 ;   CLASSIFICATION: 536
 ;   ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
 ;   NAME: Fitts, Renee A.
 ;   REGISTRATION NUMBER: 35,136
 ;   REFERENCE/DOCKET NUMBER: 017957-000100
 ;   TELECOMMUNICATION INFORMATION:
 ;   TELEPHONE: 415-576-0200
 ;   TELEFAX: 415-576-0300
 ;   INFORMATION FOR SEQ ID NO: 22:
 ;   SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 ;   LENGTH: 246240 base pairs
 ;   TYPE: nucleic acid
 ;   STRANDEDNESS: not relevant
 ;   TOPOLOGY: not relevant
 ;   MOLECULE TYPE: cDNA
 ;   FEATURE:
 ;   NAME/KEY: misc_feature
 ;   LOCATION: 1..246240
 ;   OTHER INFORMATION: /note= "HLA-H.CONTIG"
US-08-724-394A-22

Query Match   100.0%;   Score 10823.4;   DB 2;   Length 246240;
Best Local Similarity 100.0%;   Pred. No. 0;

```
Qy    1081  GCCTGGAAAATTAAGTATATGTTAGTTTGAACTGAAACAATTCTCTTTTCGG  1140
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  193384  GCCTGGAAAATTAAGTATATGTTAGTTTGAACTGAAACAATTCTCTTTTCGG  193443

Qy    1141  CTAGGCTTTATTGATTTGCAATGCTGTGTAATTAAGAGGCCTCTCACAAAGTACTGA  1200
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  193444  CTAGGCTTTATTGATTTGCAATGCTGTGTAATTAAGAGGCCTCTCACAAAGTACTGA  193503

Qy    1201  TAATGAACATGTAAGCAATGCACTCACTTCTAAGTTACATTCATATCTGATCTTATTTGA  1260
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  193504  TAATGAACATGTAAGCAATGCACTCACTTCTAAGTTACATTCATATCTGATCTTATTTGA  193563

Qy    1261  TTTTCACTAGGCATAGGGAGGTAGGAGCTAATAATACGTTTATTTTACTAGAAGTTAACT  1320
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  193564  TTTTCACTAGGCATAGGGAGGTAGGAGCTAATAATACGTTTATTTTACTAGAAGTTAACT  193623

Qy    1321  GGAATTCAGATTATATAACTCTTTCAGTTACAAAGAACATAAATAATCTGGTTTTTCTG  1380
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  193624  GGAATTCAGATTATATAACTCTTTCAGTTACAAAGAACATAAATAATCTGGTTTTTCTG  193683

Qy    1381  ATGTTATTTCAAGTACTACAGCTGCTTCTAATCTTAGTTGACAGTGATTTTGCCCTGTAG  1440
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  193684  ATGTTATTTCAAGTACTACAGCTGCTTCTAATCTTAGTTGACAGTGATTTTGCCCTGTAG  193743

Qy    1441  TGTAGCACAGTGTTCTGTGGGTCACACAGCACTTTGAGTTTTGGTA  1500
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  193744  TGTAGCACAGTGTTCTGTGGGTCACACAGCACTTTGAGTTTTGGTA  193803

Qy    1501  CTACGTGTATCCACATTTACACATGACAAGAATGAGGCACGGCCTGCTTCCTGG  1560
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  193804  CTACGTGTATCCACATTTACACATGACAAGAATGAGGCACGGCCTGCTTCCTGG  193863

Qy    1561  CAAATTTATTCAATGGTACACTGGGCTTTGGTGGCAGAGCTCATGTCTCCACTTCATAGC  1620
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  193864  CAAATTTATTCAATGGTACACTGGGCTTTGGTGGCAGAGCTCATGTCTCCACTTCATAGC  193923

Qy    1621  TATGATTCTTAAACATCACACTACTCAGTAGGTTGAATTAATAAAATTTCATGTTGAGCAG  1680
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  193924  TATGATTCTTAAACATCACACTACTCAGTAGGTTGAATTAATAAAATTTCATGTTGAGCAG  193983

Qy    1681  AAATATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGTCCCATGTGTTGCACTGTTCAAGCCC  1740
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  193984  AAATATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGTCCCATGTGTTGCACTGTTCAAGCCC  194043

Qy    1741  CAAGGGAGAGCAGCAGGGAAACAAGTCTTTACCCTTTGCATTCTAGTGGGAGA  1800
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  194044  CAAGGGAGAGCAGCAGGGAAACAAGTCTTTACCCTTTGCATTCTAGTGGGAGA  194103

Qy    1801  GATGACAATAAGCAAATGAGCAGAAAGATAACATCAGGAAATCATGGGTGTGTGA  1860
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  194104  GATGACAATAAGCAAATGAGCAGAAAGATAACATCAGGAAATCATGGGTGTGTGA  194163

Qy    1861  GAAGCAGAGAGTCAGGGCAAGTCACTCGGGGTTTCTGCAGCACTACTCTGAGCAGAAGGA  1920
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  194164  GAAGCAGAGAGTCAGGGCAAGTCACTCGGGGTTTCTGCAGCACTACTCTGAGCAGAAGGA  194223

Qy    1921  AATAAGAAATGATATTGACTGGGACCAGTATTTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCCTGGCAAG  1980
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  194224  AATAAGAATGATATTGACTGGGACCAGTATTTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCCTGGCAAG  194283

Qy    1981  TTGATTAAAAAGCGGGTTGGGAAGGGGTGGTTCTCAGCACTACCAGTGTCTAGGATGTCCTGT  2040
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  194284  TTGGTGGCTGGGAAGGGGTGGTTCTCAGCACTACCAGTGTCTAGGATGTCCTGT  194343

Qy    2041  CGGGCTGGGGTGGGAAGGGGGACTACCATCTGCGGGGCTGGGGCACTCCCCAGTCTTGACACTCCCCCAGTCTGT  2100
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  194344  CGGGCTGGGGTGGGAAGGGGGACTACCATCTGCGGGGCTGGGGCACTCCCCAGTCTTGACACTCCCCCAGTCTGT  194403

Qy    2101  CCTCCCTACTCACTAGGTGCTGCTAGGAGGCACTCCCCCAGTCTTGACAACCAAAAATGTCTCT  2160
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  194404  CCTCCCTACTCACTAGGTGCTGCTAGGAGGCACTCCCCCAGTCTTGACAACCAAAAATGTCTCT  194463
```

```
Qy    2161  AAACTTTGCCACATGTCACCTAGTAGACAAACTCCTGGTTAAGAAGCTCGGGTTGAAAAA  2220
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  194464  AAACTTTGCCACATGTCACCTAGTAGACAAACTCCTGGTTAAGAAGCTCGGGTTGAAAAA  194523

Qy    2221  AATAAACAAGTAGTGCTTGGGAGTAGAGGCCAAGAAGTAGGTAATGGCTCAGAACGAGGA  2280
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  194524  AATAAACAAGTAGTGCTTGGGAGTAGAGGCCAAGAAGTAGGTAATGGCTCAGAAGAGGA  194583

Qy    2281  GCCACAAACAAGGTTGTGCAGGCGCCGTGTCGTAGGCGTCGTGTGTGAATTCTAGCCAAGGAGTA  2340
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  194584  GCCACAAACAAGGTTGTGCAGGCCGTGTCGTAGGCGTGGTGTGAATTCTAGCCAAGGAGTA  194643

Qy    2341  ACAGTGATCTGTCACAGGCTTTTAAAAGATTGCTCTGCTGCTATGTGGAAAGCAGAATG  2400
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  194644  ACAGTGATCTGTCACAGGCTTTTAAAAGATTGCTCTGCTGCTATGTGGAAAGCAGAATG  194703

Qy    2401  AAGGGAGCAACAGTAAAAGCAGGAGCCCAGCCAGGAAGCTGTTACACAGTCCAGGCAAG  2460
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  194704  AAGGGAGCAACAGTAAAAGCAGGAGCCCAGCCAGGAAGCTGTTACACAGTCCAGGCAAG  194763

Qy    2461  AGGTAGTGGAGTGGCTGGGTGGGTGGGCTGGGTGGGGAACAGAAAAGGGAGTGACAAACCATTGTCTCCTGAA  2520
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  194764  AGGTAGTGGAGTGGCTGGGTGGGTGGGCTGGGTGGGGAACAGAAAAGGGAGTGACAAACCATTGTCTCCTGAA  194823

Qy    2521  TATATTCTGAAGGAAGTTGCTAAGGAGGGAGGCCAAGGAGGAGCCAGATTCATGTGTGTGAGAGAAGAGAATTGG  2580
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  194824  TATATTCTGAAGGAAGTTGCTAAGGAGGGAGGCCAAGGAGGAGCCAGATTCATGTGTGTGAGAGAAGAGAATTGG  194883

Qy    2581  CTGGGTGTAGTAGCTCATGCCAAGGAGGCCAAGGAGGAGCCAGATTCCTGAGCTCAGGA  2640
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  194884  CTGGGTGTAGTAGCTCATGCCAAGGAGGCCAAGGAGGAGCCAGATTCCTGAGCTCAGGA  194943

Qy    2641  GTTCAAGACCAGCCTGCGGGCAACAGCAAACCCTTCTCTACGTCGGGAGGCTGAGGTGGAGGGTA  2700
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  194944  GTTCAAGACCAGCCTGCGGGCAACAGCAAACCCTTCTCTACGTCGGGAGGCTGAGGTGGAGGGTA  195003

Qy    2701  GCTGGGTGTGGTGGCATGGCACCTGTGATCCTCAGCTACTCCGGAGGCTGAGGCTGACTTCAGC  2760
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  195004  GCTGGGTGTGGTGGCATGGCACCTGTGATCCTCAGCTACTCCGGAGGCTGAGGCTGACTTCAGC  195063

Qy    2761  TTGCTTGAGCCCAGGAGTTGAGGCTGCAGTGGGGTAAATCAAGGATCTGCATTTG  2820
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  195064  TTGCTTGAGCCCAGGAGTTGAGGCTGCAGTGGGGTAAATCAAGGATCTGCATTTG  195123

Qy    2821  CTAGGTGACAGAGCAAGACCCGTCTCCCCTGAAAAAGAGAAGAGTTAAAGT  2880
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  195124  CTAGGTGACAGAGCAAGACCCGTCTCCCCTGAAAAAGAGAAGAGTTAAAGT  195183

Qy    2881  TGACTTTGTTCTTTATTTTAATTTTATTTGGCCTGAGCAGTGGGTAATTGGCAATGCCAT  2940
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  195184  TGACTTTGTTCTTTATTTTAATTTTATTTGGCCTGAGCAGTGGGTAATTGGCAATGCCAT  195243

Qy    2941  TTCTGAGATGGTGAAGGCAGGAGAAAGACAGTTTGGGGTAAATCAAGGATCTGCATTTG  3000
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  195244  TTCTGAGATGGTGAAGGCAGGAGAAAGACAGTTTGGGGTAAATCAAGGATCTGCATTTG  195303

Qy    3001  GGACATGTAAGTTTGAGATTCCAGTCGGTGGCAGGCCACATAGGCAGTT  3060
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  195304  GGACATGTAAGTTTGAGATTCCAGTCGGTGGCAGGCCACATAGGCAGTT  195363

Qy    3061  CAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGGCACGGTGGCTCACTTCTGTAATCCCAGCACT  3120
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  195364  CAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGGCACGGTGGCTCACTTCTGTAATCCCAGCACT  195423

Qy    3121  TTGGTGGCTGAGGCGGGCGGATCAGGAGGTTTGAGACCAGCCTGGCCAACA  3180
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  195424  TTGGTGGCTGAGGCGGGCGGATCAGGAGGTTTGAGACCAGCCTGGCCAACA  195483

Qy    3181  TGGTGAAACCCCATGTCTACTAAAAATACAAAAATTAGCCTGGTGTGGTGGCGCCGCCT  3240
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  195484  TGGTGAAACCCCATGTCTACTAAAAATACAAAAATTAGCCTGGTGTGGTGGCGCCACGCCT  195543

Qy    3241  ATAGTCCCAGGTTTTCAGGAGGCTTGAGGTGAGGAGAATCCCTTGAACCCAGGAGGTGCAGG  3300
```

```
Db 195544 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
           ATAGTCCCAGGTTTCAGGAGGCTTAGGTAGGAGGAATCCCTTGAACCCAGGAGGTGCAGG 195603

Qy   3301 TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGATAGAGTGAGACTCTGT 3360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195604 TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGATAGAGTGAGACTCTGT 195663

Qy   3361 CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATTTGGG 3420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195664 CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATTTGGG 195723

Qy   3421 TCTAATTTGCCCTGAGCACCAACTCCTGAGTTCAACTACCATGGCTAGACACACCTTAAC 3480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195724 TCTAATTTGCCCTGAGCACCAACTCCTGAGTTCAACTACCATGGCTAGACACACCTTAAC 195783

Qy   3481 ATTTTCTAGAATCCACCAGCTTTAGTGGAGTCTGTCTAATCATGAGTATTGGAATAGGAT 3540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195784 ATTTTCTAGAATCCACCAGCTTTAGTGGAGTCTGTCTAATCATGAGTATTGGAATAGGAT 195843

Qy   3541 CTGGGGGCAGTGAGGGGTGGCAGCCACGTGTGGCAGCAAAGCACACAAGAGAAAGAGC 3600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195844 CTGGGGGCAGTGAGGGGTGGCAGCCACGTGTGGCAGCAAAGCACACAAGAGAAAGAGC 195903

Qy   3601 ACCCAGGACTGTCATATGGAAGAAAGACAGGACTGCAACTCACCCTTCACAAAATGAGGA 3660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195904 ACCCAGGACTGTCATATGGAAGAAAGACAGGACTGCAACTCACCCTTCACAAAATGAGGA 195963

Qy   3661 CCAGACACAGCTGATGAGTTGATGCAGGTGTGTGGAGCCTCAACATCCTGCTCCC 3720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195964 CCAGACACAGCTGATGAGTTGATGCAGGTGTGTGGAGCCTCAACATCCTGCTCCC 196023

Qy   3721 CTCCTACTACACATGGTTAAGGCTTCGTGTTCTCGTTCGTCTCCAGGTCACACTCTCTGCGACTA 3780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196024 CTCCTACTACACATGGTTAAGGCTTCGTGTTCTCGTTCGTCTCCAGGTCACACTCTCTGCGACTA 196083

Qy   3781 CCTCTTCATGGGTGCCTCAGAGCAGGACCTTGGTCTTTCCTTGTTGAAGCTTTGGGCTA 3840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196084 CCTCTTCATGGGTGCCTCAGAGCAGGACCTTGGTCTTTCCTTGTTGAAGCTTTGGGCTA 196143

Qy   3841 CGTGTGATGACCAGCTGTTCGTGTTCTATGATCATGAGAGTCGCCGTGTGGAGCCCCGAAC 3900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196144 CGTGTGATGACCAGCTGTTCGTGTTCTATGATCATGAGAGTCGCCGTGTGGAGCCCCGAAC 196203

Qy   3901 TCCATGGGGTTCCAGTAGAATTTCAAGCCAGATGGCTTCTCGGACTATTATGGAAAATCACAACCACAG 3960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196204 TCCATGGGGTTCCAGTAGAATTTCAAGCCAGATGGCTTCTCGGACTATTATGGAAAATCACAACCACAG 196263

Qy   3961 AGGGTGGGATCACATGTTGGAGAGGGGCCCTCACCTTCCTGAGGTCTGGGATGGTCGAGTCAGAGTCTGAA 4020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196264 AGGGTGGGATCACATGTTGGAGAGGGGCCCTCACCTTCCTGAGGTCTGGGATGGTCGAGTCAGAGTCTGAA 196323

Qy   4021 CAAGGGTATGTGGAGAGGGAAACAGCTGGAGTCTGGGGAGTCTTGTGTGGGAGCAGGGAAGAGGGAAG 4080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196324 CAAGGGTATGTGGAGAGGGAAACAGCTGGAGTCTGGGGAGTCTTGTGTGGGAGCAGGGAAGAGGGAAG 196383

Qy   4081 ATGCATCTTGAAGGAATCAGATCATTGGTCGTGGAAGTCGGAGATCGGGAAATAGGGACCTATTCCTT 4140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196384 ATGCATCTTGAAGGAATCAGATCATTGGTCGTGGAAGTCGGAGATCGGGAAATAGGGACCTATTCCTT 196443

Qy   4141 GAATTTGCTTCCTGAGATCTGGGATCATTTGGTCCTGGGGGATGGTGGAAATAGGGACCTATTCCTT 4200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196444 GAATTTGCTTCCTGAGATCTGGGATCATTTGGTCCTGGGGGATGGTGGAAATAGGGACCTATTCCTT 196503

Qy   4201 TGGTTGCAGTTAACAAGGCTGGGGATTTTTCCAGAGTCCCACACCCTGCCAGGTCATCCTG 4260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196504 TGGTTGCAGTTAACAAGGCTGGGGATTTTTCCAGAGTCCCACACCCTGCCAGGTCATCCTG 196563

Qy   4261 GGCTGTGAAATGCAAGAGAGCAAGAGAGACAACAGTACCGAGGGCTACTCGGGTATGGATGGG 4320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196564 GGCTGTGAAATGCAAGAGAGCAAGAGAGACAACAGTACCGAGGGCTACTCGGGTATGGATGGG 196623

Qy   4321 CAGGACCACCTTGAATTCTGCCCTGACACACTGGATTGGAGCAGCAGAACCCAGGGCC 4380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Db 196624 CAGGACCACCTTGAATTCTGCCCTGACACACTGGATTGGAGCAGCAGAACCCAGGGCC 196683

Qy   4381 TGGCCCCACCAAGCTGGAGTGGGAAAGGCACCAAGATTCGGGCCCAGCAGAACAGGGCCTAC 4440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196684 TGGCCCCACCAAGCTGGAGTGGGAAAGGCACCAAGATTCGGGCCCAGCAGAACAGGGCCTAC 196743

Qy   4441 CTGGAGAGGGACTGCCCTGCACAGCTGCAGTTGCTGCGGAGCTGGGGAGAGGTGTTTTG 4500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196744 CTGGAGAGGGACTGCCCTGCACAGCTGCAGTTGCTGCGGAGCTGGGGAGAGGTGTTTTG 196803

Qy   4501 GACCAACAAGGTATGGTGGAAACACACTTCTGCCCCTATACTCTAGTGGCAGAGTGGAGG 4560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196804 GACCAACAAGGTATGGTGGAAACACACTTCTGCCCCTATACTCTAGTGGCAGAGTGGAGG 196863

Qy   4561 AGGTTGCAGGGCACGGAATCCCTGGTTGGAAGGCACCAAGATTTCAGAGGTGCTGAGGCTGTGTGCCTC 4620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196864 AGGTTGCAGGGCACGGAATCCCTGGTTGGAAGGCACCAAGATTTCAGAGGTGCTGAGGCTGTGTGCCTC 196923

Qy   4621 TCCAAATTCTGGGAAGGGACTTTCTCAATCCTAGAGTCTTCAATCCTTATATTGAGATGTA 4680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196924 TCCAAATTCTGGGAAGGGACTTTCTCAATCCTAGAGTCTTCAATCCTTATATTGAGATGTA 196983

Qy   4681 TGACAGCCACAAGTCATGGTTTAATTCTTTTCTCCATGCATATGGCTCAAAGGGAA 4740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196984 TGAGACAGCCACAAGTCATGGTTTAATTCTTTTCTCCATGCATATGGCTCAAAGGGAA 197043

Qy   4741 GTGTCTATGGCCCCTTGCTTTTTATTAACCAATAATCTTTGTATATTTGTATATTTGTTAACCTGTTAA 4800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197044 GTGTCTATGGCCCCTTGCTTTTTATTAACCAATAATCTTTGTATATTTGTATATTTGTTAACCTGTTAA 197103

Qy   4801 AAATTCAGAAATGTCAAGGCGGTGGCTCACCCCTGACCAGCCTGACCAACACTTTGGG 4860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197104 AAATTCAGAAATGTCAAGGCGGTGGCTCACCCCTGACCAGCCTGACCAACACTTTGGG 197163

Qy   4861 AGGCCGAGGCGGGGTGGTCACAAGTCAGGAGTTTGAGACCAAAAATAGCTGGAAGCCGGAAGCCGGAA 4920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197164 AGGCCGAGGCGGGGTGGTCACAAGTCAGGAGTTTGAGACCAAAAATAGCTGGAAGCCGGAAGCCGGAA 197223

Qy   4921 ACCCGTCTCTAAAAAAATACAAAAATTAGCTGGGCACCTGTAGTCCCA 4980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197224 ACCCGTCTCTAAAAAAATACAAAAATTAGCTGGGCACCTGTAGTCCCA 197283

Qy   4981 GCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGAGCATCGCTTGAACCTGGGAAGGCGGAAGTTGCACTGA 5040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197284 GCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGAGCATCGCTTGAACCTGGGAAGGCGGAAGTTGCACTGA 197343

Qy   5041 GCCAAGATCGCGCCACTGCACTCCAGCCTGGGCAGCAGAGTCCATCTTAAAAAAA 5100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197344 GCCAAGATCGCGCCACTGCACTCCAGCCTGGGCAGCAGAGTGAGACTCCATCTTAAAAAAA 197403

Qy   5101 AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAGAATTCAGAGATGAGATAGAGAAGAAT 5160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197404 AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAGAATTCAGAGATAGAGAAGAAT 197463

Qy   5161 ATATCAAGTGAGGCCACTTATCTATCAGAACAAAGAACATGGTAACAGAATCCTTAGGTTAAAAGTTTCTTTCAT 5220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197464 ATATCAAGTGAGGCCACTTATCTATCAGAACAAAGAACATGGTAACAGAATCCTTAGGTTAAAAGTTTCTTTCAT 197523

Qy   5221 AGAACATAGCAATAATCACTGAAGCTACCTACTCATCTTCAAGTCCGCTTCTTATAACAATGC 5280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197524 AGAACATAGCAATAATCACTGAAGCTACCTACTCATCTTCAAGTCCGCTTCTTATAACAATGC 197583

Qy   5281 CTCCTAGGTTGACCCAGGTGAAACTGAAACTGACCATCGTATTCAATTTCAATGCCACAATAA 5340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197584 CTCCTAGGTTGACCCAGGTGAAACTGACCATCGTATTCAATTTCAATGCCACAATAA 197643

Qy   5341 AGGGCAATTTATCTATCATCAGAACAAAGAACAAGAACATGGTAACAGATATATTTACATGTG 5400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197644 AGGGCAATTTATCTATCATCAGAACAAAGAACAAGAACATGGTAACAGATATATTTACATGTG 197703

Qy   5401 AGGAGAACAAGCTGATCTGACTGCTCTCCAAGTGACACTCGTTGTTAGAGTCGCAATCTTAGG 5460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197704 AGGAGAACAAGCTGATCTGACTGCTCTCCAAGTGACACTCGTTGTTAGAGTCGCAATCTTAGG 197763
```

Mon Jul 9 10:09:31 2001   us-09-497-957-3.rni

```
Qy      5461  ACACAAAATGGTCTCTCTCCTCCTGTAGCTGTTGTTTTTCTGAAAAGGGTATTCCTTCCTCC  5520
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    197764  ACACAAAATGGTCTCTCTCCTCCTGTAGCTGTTGTTTTTCTGAAAAGGGTATTCCTTCCTCC  197823

Qy      5521  AACCTATAGAAGGAAGTGAAAGTTCCAGTCTTCCTGGCAAGGTAAACAGATCCCCTCTC  5580
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    197824  AACCTATAGAAGGAAGTGAAAGTTCCAGTCTTCCTGGCAAGGTAAACAGATCCCCTCTC  197883

Qy      5581  CTCATCCTTCCTCTTCCTCTGTCAAGTGCCTCCTCCTTGTGAAGGTGACACATCATGTGACC  5640
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    197884  CTCATCCTTCCTCTTCCTCTGTCAAGTGCCTCCTCCTTGTGAAGGTGACACATCATGTGACC  197943

Qy      5641  TCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGGGCCTTGAACTACTACCCCCAGAACATCACCATG  5700
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    197944  TCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGGGCCTTGAACTACTACCCCCAGAACATCACCATG  198003

Qy      5701  AAGTGGCTGAAGGATAAGCAGCCAGTCAATGATGCCAAGGAGTTCGAACCTAAAGACGTATTG  5760
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    198004  AAGTGGCTGAAGGATAAGCAGCCAGTCAATGATGCCAAGGAGTTCGAACCTAAAGACGTATTG  198063

Qy      5761  CCCAATGGGATGGGACCTACCAGGGGTCTGGAATAACCTTGGCTGCTGTACCCCCTGGGAAGAG  5820
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    198064  CCCAATGGGATGGGACCTACCAGGGGTCTGGAATAACCTTGGCTGCTGTACCCCCTGGGAAGAG  198123

Qy      5821  CAGAGATATACGTACCAGGTGGAGCACCAGGCCTGATCAGCCCCTCATTGTGATCTGG  5880
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    198124  CAGAGATATACGTACCAGGTGGAGCACCAGGCCTGATCAGCCCCTCATTGTGATCTGG  198183

Qy      5881  GGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGCTGAGAAAATCTATTGGGGTTGAGAGGAGTGCC  5940
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    198184  GGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGCTGAGAAAATCTATTGGGGTTGAGAGGAGTGCC  198243

Qy      5941  TGAGGAGGTAATTATGGCACTGAGATGAGGATCTGCTCTTGTTTGTCGTTGTCATTGGAATT  6000
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    198244  TGAGGAGGTAATTATGGCACTGAGATGAGGATCTGCTCTTGTTTGTCGTTGTCATTGGAATT  198303

Qy      6001  GTGGCAATCAAAGCTTTAACTTGCTTTTCTGTTTTCTGTTTTAGAGCCCTCGCTGGCACCC  6060
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    198304  GTGGCAATCAAAGCTTTAACTTGCTTTTCTGTTTTCTGTTTTAGAGCCCTCGCTGGCACCC  198363

Qy      6061  TAGTCATTGGAGTCATCAGTGGAATTGCTGTGTTTTGTCGTCATCTTGTTCATTGGAATT  6120
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    198364  TAGTCATTGGAGTCATCAGTGGAATTGCTGTGTTTTGTCGTCATCTTGTTCATTGGAATT  198423

Qy      6121  TGTTCATAATATTAAGGAAGAGAGGTTCAAGTGAGTAGGAACAAGGGGAAGTCTCT  6180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    198424  TGTTCATAATATTAAGGAAGAGAGGTTCAAGTGAGTAGGAACAAGGGGAAGTCTCT  198483

Qy      6181  TAGTACCTGCCCCAGGCACAGTGGAATTGCTGTAGGGGCAGAGGGCAGCTGGCATCCATGGG  6240
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    198484  TAGTACCTGCCCCAGGCACAGTGGAATTGCTGTAGGGGCAGAGGGCAGCTGGCATCCATGGG  198543

Qy      6241  AAGCATTTTCTCATTTATATTCTTTGGGGACACCAGCAGTCCCTGGGACACAGGAGACAGAAAT  6300
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    198544  AAGCATTTTCTCATTTATATTCTTTGGGGACACCAGCAGTCCCTGGGACACAGGAGACAGAAAT  198603

Qy      6301  AATGGTCTCTCCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCAACAAACATCTTCAGAGCACCTACTAT  6360
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    198604  AATGGTCTCTCCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCAACAAACATCTTCAGAGCACCTACTAT  198663

Qy      6361  TTTGCAAGAGTCTGTTTAAGGTAGTACAGGGCCTTTGAGGTTGACAGAGTCACTGGCTAT  6420
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    198664  TTTGCAAGAGTCTGTTTAAGGTAGTACAGGGCCTTTGAGGTTGACAGAGTCACTGGCTAT  198723

Qy      6421  TCTCAGAACCCAAATCTGGTAGGGAATGAAATTGATAGCAAGTAAATGTAGTTAAAGAAG  6480
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    198724  TCTCAGAACCCAAATCTGGTAGGGAATGAAATTGATAGCAAGTAAATGTAGTTAAAGAAG  198783

Qy      6481  ACCCCATGGAGTCCTAAAGCAGGCAGGAAGCAGCAGGAAATGCTTAGGGTGTCAAAGGAAGAATG  6540
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    198784  ACCCCATGGAGTCCTAAAGCAGGCAGGAAGCAGCAGGAAATGCTTAGGGTGTCAAAGGAAGAATG  198843
```

```
Qy      6541  ATCACATTCAGCTGGGATCAAGATAGCCTTCTGATCTTGAAGGAGAAGCTGGATTCCA  6600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    198844  ATCACATTCAGCTGGGATCAAGATAGCCTTCTGATCTTGAAGGAGAAGCTGGATTCCA  198903

Qy      6601  TTAGGTGAGGTGAAGATGATGGGAGGTCTACACAGACGCAGACCAAGTAGGA  6660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    198904  TTAGGTGAGGTGAAGATGATGGGAGGTCTACACAGACGCAGACCAAGTAGGA  198963

Qy      6661  GAGTATAAGGCATACTGGGAGATTAGAAATAATTACTGTACCCTTAACCCTGAGTTTGCGT  6720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    198964  GAGTATAAGGCATACTGGGAGATTAGAAATAATTACTGTACCCTTAACCCTGAGTTTGCGT  199023

Qy      6721  AGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCTACCCCCTGAACATCTGTGGTGTAGGGAAAAGA  6780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    199024  AGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCTACCCCCTGAACATCTGTGGTGTAGGGAAAAGA  199083

Qy      6781  GAATCAGAAAGAAGCCAGCTCATACAGAGTCCAAGGGTCTTTTGGGATATTGGGTTATGA  6840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    199084  GAATCAGAAAGAAGCCAGCTCATACAGAGTCCAAGGGTCTTTTGGGATATTGGGTTATGA  199143

Qy      6841  TCACTGGGTGTCATTGAAGGATCCTAAGAAAGGAGGACCACGATCTCCCTTATATGGTG  6900
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    199144  TCACTGGGTGTCATTGAAGGATCCTAAGAAAGGAGGACCACGATCTCCCTTATATGGTG  199203

Qy      6901  AATGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGGTGAGGAGAACCAGTTAGAAAGCCAATAAGCAT  6960
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    199204  AATGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGGTGAGGAGAACCAGTTAGAAAGCCAATAAGCAT  199263

Qy      6961  TTCCAGATGAGAGATAATGGTTCTTGAAATCCAATAGTGCCCAGGTCTAAATTGAGATGG  7020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    199264  TTCCAGATGAGAGATAATGGTTCTTGAAATCCAATAGTGCCCAGGTCTAAATTGAGATGG  199323

Qy      7021  GTGAATGAGGAAAATAAGGAGAGAGAGCCAAGATGGTGCCTAGGTTGTGATGCCT  7080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    199324  GTGAATGAGGAAAATAAGGAGAGAGAGCCAAGATGGTGCCTAGGTTGTGATGCCT  199383

Qy      7081  CTTTCCTGGGTCTTCTTGTCTCCACAGGAGGAGCCATGGGCACTACGTCTTAGCTGAACG  7140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    199384  CTTTCCTGGGTCTTCTTGTCTCCACAGGAGGAGCCATGGGCACTACGTCTTAGCTGAACG  199443

Qy      7141  TGAGTGACACGCAGCCTGCAGACTCACTGTGGAAGGACAAAACTAGAGACTCAAAGA  7200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    199444  TGAGTGACACGCAGCCTGCAGACTCACTGTGGAAGGACAAAACTAGAGACTCAAAGA  199503

Qy      7201  GGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCATGTTTCAGGAGGAGAGTTGAACCTAAACATAGAAATT  7260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    199504  GGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCATGTTTCAGGAGGAGAGTTGAACCTAAACATAGAAATT  199563

Qy      7261  GCCTGACGAACTCCTTGATTTAGCCTTCGTCGTTCATTCTCGTGATCCCTGGAACTG  7320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    199564  GCCTGACGAACTCCTTGATTTAGCCTTCGTCGTTCATTCTCGTGATCCCTGGAACTG  199623

Qy      7321  TTAGGTTTCTGAGTTCCTGCATGCGCGGTGATCCCGTTCTGGACCCCGGACTTTCCT  7380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    199624  TTAGGTTTCTGAGTTCCTGCATGCGCGGTGATCCCGTTCTGGACCCCGGACTTTCCT  199683

Qy      7381  TCTCTCATGAACCTCAAGCTGCAATCTGAGGCTTCCTTCATTTTCTATTTTGGGGA  7440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    199684  TCTCTCATGAACCTCAAGCTGCAATCTGAGGCTTCCTTCATTTTCTATTTTGGGGA  199743

Qy      7441  ACATACACCTATGTCATTCATTTCATTTTCCTATTTTGGAAGAGGACTCCTAGTTCAT  7500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    199744  ACATACACCTATGTCATTCATTTCATTTTCCTATTTTGGAAGAGGACTCCTAGTTCAT  199803

Qy      7501  CTTACAGTGATTCATTTAACATCTGAGAAAAGCTTGAACCTGGACCTGGCTAGTCAT  7560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    199804  CTTACAGTGATTCATTTAACATCTGAGAAAAGCTTGAACCTGGACCTGGCTAGTCAT  199863

Qy      7561  AACCTTACCAGATTTTACCACATGTATCATGCAGTTCTCGGAACCCGTTCAACTTTCCT  7620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    199864  AACCTTACCAGATTTTACACATGTATCATGCAGTTCTCGGAACCCGTTCAACTTTTCCT  199923

Qy      7621  TTGAATCCTCTCTCTGTGTTACCCAGTAACTCGTCACCAGTAACTCATCATCGTCACCAGTAACTCATCATC  7680
```

```
Db 199924 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
           TTGAATCCTCTCGTGTTACCCAGTAACTCATCTGTCACCAAGCCTTGGGATTCTTC 199983

Qy   7681 CATCTGATTGTGATGTGAGTGTGATTGCACAGCTATGCACTGTACACTGTACACGAG 7740
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 199984 CATCTGATTGTGATGTGAGTGTGATTGCACAGCTATGCACTGTACACTGTACACGAG 200043

Qy   7741 GCACCTGTCCCAGAAAAAGCATCATGGCTATCTGTGGTAGTATGATGGTGTTTTTAGC 7800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 200044 GCACCTGTCCCAGAAAAAGCATCATGGCTATCTGTGGTAGTATGATGGTGTTTTTAGC 200103

Qy   7801 AGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGGTTGTGAAGGAGTGTTTTCTAATTGGCATGA 7860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 200104 AGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGGTTGTGAAGGAGTGTTTTCTAATTGGCATGA 200163

Qy   7861 AGGTGTCATACAGATTTGCAAAGTTTGCCTTCATTTGGGATGCTACTCTAGTAT 7920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 200164 AGGTGTCATACAGATTTGCAAAGTTTGCCTTCATTTGGGATGCTACTCTAGTAT 200223

Qy   7921 TCCAGACCTGAAGAATCACAATAATTTTCTACCTGGTCTCTCCCTTGTTCCTGATAATGAAA 7980
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 200224 TCCAGACCTGAAGAATCACAATAATTTTCTACCTGGTCTCTCCCTTGTTCCTGATAATGAAA 200283

Qy   7981 ATTATGATAAGGATGATAAAAGCACTTACTTCGTGTCCGACTCTTCTGAGCCACCTACTTA 8040
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 200284 ATTATGATAAGGATGATAAAAGCACTTACTTCGTGTCCGACTCTTCTGAGCCACCTACTTA 200343

Qy   8041 CATGCCATTACTACTGCATGCCATGCACTTCTTACAATAATTCTATGAGATAGTACTATTATCCCCAT 8100
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 200344 CATGCCATTACTACTGCATGCCATGCACTTCTTACAATAATTCTATGAGATAGTACTATTATCCCCAT 200403

Qy   8101 TTCTTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGTAGGCCGGCACGTGGCCTCACGGCCTGTAATCCC 8160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 200404 TTCTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGTAGGCCGGCACGTGGCCTCACGGCCTGTAATCCC 200463

Qy   8161 AGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGGTGGATCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCCTGGC 8220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 200464 AGCACTTTGGGAGGCCGAAGCGGGTGGATCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCCTGGC 200523

Qy   8221 TAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAATACAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGCAG 8280
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 200524 TAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAATACAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGCAG 200583

Qy   8281 ACGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGGAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCATGAACCCAGGAGG 8340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 200584 ACGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGGAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCATGAACCCAGGAGG 200643

Qy   8341 CAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTTGCGCCACTGCACTCCAGCCTGACAGAGTGAGA 8400
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 200644 CAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTTGCGCCACTGCACTCCAGCCTGACAGAGTGAGA 200703

Qy   8401 CTCCATCAAAAAAATAAAATAAAATAAAATAAAATGAAAAAAGAAAGTA 8460
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 200704 CTCCATCAAAAAAATAAAATAAAATAAAATAAAATGAAAAAAGAAAGTA 200763

Qy   8461 TAGAGTAATCTCAGTTGTCAGTAGTTGTTCTTCTTCATTGTCATTGTCTCTGAGTGAGCTTGTCGACCG 8520
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 200764 TAGAGTAATCTCAGTTGTCAGTAGTTGTTCTTCTTCATTGTCATTGTCTCTGAGTGAGCTTGTCGACCG 200823

Qy   8521 TTTGATACATCTCAGACACCACATTCAGTAGTTAGATGCTTAGATGCCTAGAATAAATAGAGAA 8580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 200824 TTTGATACATCTCAGACACCACATTCAGTAGTTAGATGCTTAGATGCCTAGAATAAATAGAGAA 200883

Qy   8581 GGAAGGAGAGATGGCTCTTCTTCTTGTCTCTCTTCTGAGCTTGAGTGAGCTTGAGTCACAT 8640
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 200884 GGAAGGAGATGGCTCTTCTTCTTGTCTCTCTTCTGAGCTTGAGTGAGCTTGAGTCAACAT 200943

Qy   8641 GAAGGGGAACAGCAGAAACAGAACCAACTGATCCTGCTCTGTCTCATGTTTCCTTTAAAAGTC 8700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 200944 GAAGGGGAACAGCAGAAACAGAACCAACTGATCCTGCTCTGTCTCATGTTTCCTTTAAAAGTC 201003

Qy   8701 CCTGAAGGAAGGTCCTGGAATGTGACTCCCTTGCTCCTGTTCTCTTGCTCTCTTTGGCATTCA 8760
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201004 CCTGAAGGAAGGTCCTGGAATGTGACTCCCTTGCTCCTGTTCTCTTGCTCTCTTTGGCATTCA 201063

Qy   8761 TTTCTTTGGACCCTACGCAAGGACTGTAATTGGTGGGACAGCTAGTGGCCCTGCTGGGC 8820
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201064 TTTCTTTGGACCCTACGCAAGGACTGTAATTGGTGGGACAGCTAGTGGCCCTGCTGGGC 201123

Qy   8821 TTCACACACGGTGTCCTCCCTAGGCCAGTGGAGTCAGAACTCTGGTGTATTTC 8880
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201124 TTCACACACGGTGTCCTCCCTAGGCCAGTGGAGTCAGAACTCTGGTGTATTTC 201183

Qy   8881 CCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCTCATTTGAGATGGTATAATGGAAGCCACCAAGTG 8940
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201184 CCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCTCATTTGAGATGGTATAATGGAAGCCACCAAGTG 201243

Qy   8941 GCTTAGAGGATGCCCAGGTCCTTCCATGGAGCCACTGGGGTTCCGGTGCACATTAAAAAA 9000
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201244 GCTTAGAGGATGCCCAGGTCCTTCCATGGAGCCACTGGGGTTCCGGTGCACATTAAAAAA 201303

Qy   9001 AAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCTAGATTCTGGGAAATCAGTTCACCATGTTCA 9060
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201304 AAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCTAGATTCTGGGAAATCAGTTCACCATGTTCA 201363

Qy   9061 AAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTTTTTTGAGACTCTATTGCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCATGAT 9120
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201364 AAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTTTTTTGAGACTCTATTGCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCATGAT 201423

Qy   9121 CTCGGCTCACTGTAACCTCTGCCTCCCAGGTTCAAGCGATTCTCCTGTCTCAGCCTCCCA 9180
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201424 CTCGGCTCACTGTAACCTCTGCCTCCCAGGTTCAAGCGATTCTCCTGTCTCAGCCTCCCA 201483

Qy   9181 AGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCACGGCCACGTGGCTAATTTTGTATTTTTAGTAGA 9240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201484 AGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCACGGCCACGTGGCTAATTTTGTATTTTTAGTAGA 201543

Qy   9241 GACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCCTGACCTCGTGATCCGCC 9300
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201544 GACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCCTGACCTCGTGATCCGCC 201603

Qy   9301 TGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGCGTGAGCCACCGCCAGCCGTCAAA 9360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201604 TGCCTCCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGCGTGAGCCACCGCCAGCCGTCAAA 201663

Qy   9361 AGTAGCTGGATTCTAATATATATCCAGATGGCATGTGTTTACTTTATGTACTTACGTGATCCGCCACTTG 9420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201664 AGTAGCTGGATTCTAATATATATCCAGATGGCATGTGTTTACTTTATGTACTTACGTGATCCGCCACTTG 201723

Qy   9421 GCTGCATAAATGTGTACAAGCATTCTGTCTTGTTCAGGGCAGGTGCTTCAGGATACCATAT 9480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201724 GCTGCATAAATGTGTACAAGCATTCTGTCTTGTTCAGGGCAGGTGCTTCAGGATACCATAT 201783

Qy   9481 ACAGCTCAGAAGTTTCTTCTTTTTTGTGTTAGAAAAAGTAAAAAAGTAAATGTGATTT 9540
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201784 ACAGCTCAGAAGTTTCTTCTTTTTTGTGTTAGAAAAAGTAAAAAAGTAAATGTGATTT 201843

Qy   9541 TTAAACCATTTTCTTTTTTTGTGGTTAGAAAATGAATACAATTAAAAATGAATT 9600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201844 TTAAACCATTTTCTTTTTTTGTGGTTAGAAAATGAATACAATTAAAAATGAATT 201903

Qy   9601 ACGCTTCATTGTAGAAAAAGCTATAAAAATGAATACAATTAAAAAGCTGTTATTTAATTAGCCAG 9660
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201904 ACGCTTCATTGTAGAAAAAGCTATAAAAATGAATACAATTAAAAAGCTGTTATTTAATTAGCCAG 201963

Qy   9661 TGAAAAACTATTAACAACTTGTCTTATTACCTGTTCATTAAAAATGCA 9720
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201964 TGAAAAACTATTAACAACTTGTCTTATTACCTGTTCATTAAAAATGCA 202023

Qy   9721 TATACTTTAATAAATGTATATTGTATTGTATACTGCATGATTTTATTGAAGTTCTTGTTC 9780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202024 TATACTTTAATAAATGTATATTGTATTGTATACTGCATGATTTTATTGAAGTTCTTGTTC 202083

Qy   9781 ATCTTGTGTATATACTTAATCGCTTTGTCATTTTGCTTCATTTTGTCTTCTAATTT 9840
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202084 ATCTTGTGTATATACTTAATCGCTTTGTCATTTTGCTTCATTTTGTCTTCTAATTT 202143
```

```
Patent No. 6025130
GENERAL INFORMATION:
     APPLICANT:  Thomas, Winston J.
     APPLICANT:  Drayna, Dennis T.
     APPLICANT:  Feder, John N.
     APPLICANT:  Gnirke, Andreas
     APPLICANT:  Ruddy, David
     APPLICANT:  Tsuchihashi, Zenta
     APPLICANT:  Wolff, Roger K.
     TITLE OF INVENTION:  Hereditary Hemochromatosis Gene
     NUMBER OF SEQUENCES:  44
     CORRESPONDENCE ADDRESS:
          ADDRESSEE:  Townsend and Townsend and Crew LLP
          STREET:  Two Embarcadero Center, Eighth Floor
          CITY:  San Francisco
          STATE:  California
          COUNTRY:  USA
          ZIP:  94111-3834
     COMPUTER READABLE FORM:
          MEDIUM TYPE:  Floppy disk
          COMPUTER:  IBM PC compatible
          OPERATING SYSTEM:  PC-DOS/MS-DOS
          SOFTWARE:  PatentIn Release #1.0, Version #1.30
     CURRENT APPLICATION DATA:
          APPLICATION NUMBER:  US/08/652,265
          FILING DATE:  23-MAY-1996
          CLASSIFICATION:  514
     ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
          NAME:  Smith, William M.
          REGISTRATION NUMBER:  30,223
          REFERENCE/DOCKET NUMBER:  17957-000500
     TELECOMMUNICATION INFORMATION:
          TELEPHONE:  (415) 576-0200
          TELEFAX:  (415) 576-0300
INFORMATION FOR SEQ ID NO:  5:
     SEQUENCE CHARACTERISTICS:
          LENGTH:  10825 base pairs
          TYPE:  nucleic acid
          STRANDEDNESS:  single
          TOPOLOGY:  linear
     MOLECULE TYPE:  DNA (genomic)
     FEATURE:
          NAME/KEY:  CDS
          LOCATION:  join(361..436, 3762..4025, 4235..4510, 5606..5881,
          6040..6153, 7107..7147)
          OTHER INFORMATION:  /product= "Hereditary Hemochromatosis
          mutation"
          OTHER INFORMATION:  /note= "Hereditary Hemochromatosis (HH)
          OTHER INFORMATION:  genomic sequence surrounding variant
          OTHER INFORMATION:  for 24d2(G) allele (SEQ ID NO:42)"
          OTHER INFORMATION:  /note= "Hereditary Hemochromatosis
          OTHER INFORMATION:  gene 24d2 allele"
     FEATURE:
          NAME/KEY:  -
          LOCATION:  140..7319
          OTHER INFORMATION:  /note= "start and stop positions for
          OTHER INFORMATION:  24d2 allele cDNA (SEQ ID NO:11)"
     FEATURE:
          NAME/KEY:  -
          LOCATION:  3852..3891
          OTHER INFORMATION:  /note= "start and stop positions for
          OTHER INFORMATION:  genomic sequence surrounding variant
          OTHER INFORMATION:  for 24d2(G) allele (SEQ ID NO:42)"
     FEATURE:
          NAME/KEY:  -
          LOCATION:  5507..6023
          OTHER INFORMATION:  /note= "start and stop positions for
          OTHER INFORMATION:  genomic sequence surrounding variant
          OTHER INFORMATION:  for 24d1(G) allele (SEQ ID NO:20)"
     FEATURE:
          NAME/KEY:  allele
          LOCATION:  replace(3872, "g")
          OTHER INFORMATION:  /phenotype= "Hereditary Hemochromatosis
          OTHER INFORMATION:  /label= 24d2
```

```
Qy   9841  CTTTACATTTTGTCTTACGGAATATTTTCATTCAACTGTGGTAGCCGAATTAATCGTGTT  9900
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202144  CTTTACATTTTGTCTTACGGAATATTTTCATTCAACTGTGGTAGCCGAATTAATCGTGTT  202203

Qy   9901  TCTTCACTCTAGGGACATTGTCGTCTAAGTGTGTAAGACATTGGTTATTTTACCAGCAAAC  9960
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202204  TCTTCACTCTAGGGACATTGTCGTCTAAGTGTGTAAGACATTGGTTATTTTACCAGCAAAC  202263

Qy   9961  CATTCTGAAAGCATATGACAAATTATTTCTCTCTAATATCTTACTATACTGAAAGCAGA  10020
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202264  CATTCTGAAAGCATATGACAAATTATTTCTCTCTAATATCTTACTATACTGAAAGCAGA  202323

Qy  10021  CTGCTATAAGGCTTCACTTACTCTTCTCACCTCATAAGGAATATGTTACAATTAATTATT  10080
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202324  CTGCTATAAGGCTTCACTTACTCTTCTCACCTCATAAGGAATATGTTACAATTAATTATT  202383

Qy  10081  AGGTAAGCATTGTGTTTATATGGTTTATTCACCTGGGCTGAGATTTCAAGAAAACACC  10140
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202384  AGGTAAGCATTGTGTTTATATGGTTTATTCACCTGGGCTGAGATTTCAAGAAAACACC  202443

Qy  10141  CCAGTCTTCACAGTAACACATTTCACTACACATTTACTAACATCAGCAACTGTGGCCT  10200
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202444  CCAGTCTTCACAGTAACACATTTCACTACACATTTACTAACATCAGCAACTGTGGCCT  202503

Qy  10201  GTTAATTTTTTAATAGAAATTTAAGTCCTCATTTCTTTCGGTGTTTTTTAAGCTTAA  10260
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202504  GTTAATTTTTTTAATAGAAATTTAAGTCCTCATTTCTTTCGGTGTTTTTTAAGCTTAA  202563

Qy  10261  TTTTTCTGGCTTTATTCATAAATTCTTAAGTCAACTACATTTGAAAAATCAAAGACCTG  10320
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202564  TTTTTCTGGCTTTATTCATAAATTCTTAAGTCAACTACATTTGAAAAATCAAAGACCTG  202623

Qy  10321  CATTTTAAATTCTATTCACCTCTGGCAAAACCATTCACAAACCATGTAGTAAAGGAGAA  10380
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202624  CATTTTAAATTCTATTCACCTCTGGCAAAACCATTCACAAACCATGTAGTAAAGGAGAA  202683

Qy  10381  GGGTGACACCTGGTGGCCATAGGTAAATGTACCACGGTCCGGTGACCAGAGATGCAG  10440
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202684  GGGTGACACCTGGTGGCCATAGGTAAATGTACCACGGTCCGGTGACCAGAGATGCAG  202743

Qy  10441  CGCTGAGGGTTTCCTGAAGGTAAAGGAATAAAGAATAAAGAATGGGTGGAGGGGCCTGCACTGGAA  10500
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202744  CGCTGAGGGTTTCCTGAAGGTAAAGGAATAAAGAATAAAGAATGGGTGGAGGGGCCTGCACTGGAA  202803

Qy  10501  ATCACTTGTGAGAGAAAAGCCCTGAAAATTGAGAAAACAAGAAAACTACTTACCAG  10560
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202804  ATCACTTGTGAGAGAAAAGCCCTGAAAATTGAGAAAACAAGAAAACTACTTACCAG  202863

Qy  10561  CTATTTGAATTGCTTGGAATCACAGGCCATTGCTGAGCTGCCTGCCTGGAACACACAG  10620
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202864  CTATTTGAATTGCTGGAATCACAGGCCATTGCTGAGCTGCCTGCCTGGAACACAACAG  202923

Qy  10621  AAGGAAAACAAACCACCTCTGATAATCATTGAGTCAGCAGCAGGTGATTGAGGACTGC  10680
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202924  AAGGAAAACAAACCACCTCTGATAATCATTGAGTCAGCAGCAGGTGATTGAGGACTGC  202983

Qy  10681  TGAGAGGTACAGGCCAAATTCTTATGTTGTATTATAATAAATGTCATCTTATAATACTGT  10740
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202984  TGAGAGGTACAGGCCAAATTCTTATGTTGTATTATAATAAATGTCATCTTATAATACTGT  203043

Qy  10741  CAGTATTTATAAAACATTCTTCACAAAACAAAACAAAAACAAAAAACACTGTCTC  10800
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 203044  CAGTATTTATAAAACATTCTTCACAAAACAAAACAAAAACAAAAAACACTGTCTC  203103

Qy  10801  TAAAATCCCCAAATTTTCATAAAC  10825
           |||||||||||||||||||||||||
Db 203104  TAAAATCCCCAAATTTTCATAAAC  203128
```

RESULT 13
US-08-652-265-5
; Sequence 5, Application US/08652265

US-08-652-265-5

```
Query Match        100.0%;   Score 10821.8;   DB 3;   Length 10825;
Best Local Similarity  100.0%;   Pred. No. 0;
Matches 10823;   Conservative  0;   Mismatches  0;   Indels  2;   Gaps  0;

Qy     1 TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTAAATGTATGATTGATTGAAATTGAAAATCATAAATATTTA 60
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1 TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTAAATGTATGATTGATTGAAATTGAAAATCATAAATATTTA 60

Qy    61 AATATCTAAAGTTCGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTGCCAATCAACACACCCT 120
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    61 AATATCTAAAGTTCGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTGCCAATCAACACACCCT 120

Qy   121 TCAGGATTTAAAAACCAAGGGGACACTGGATCACCTAGTGTTTCACAAGCCAGTACCTT 180
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   121 TCAGGATTTAAAAACCAAGGGGACACTGGATCACCTAGTGTTTCACAAGCCAGTACCTT 180

Qy   181 CTGCTGTAGGAGAGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTTGTTTCACCAGGAAGTT 240
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   181 CTGCTGTAGGAGAGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTTGTTTCACCAGGAAGTT 240

Qy   241 TTACTGGGCATCTCCTGAGCCTAGGCAATAGCTGTAGGGTGACTTCTGAGCCATCCCCG 300
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   241 TTACTGGGCATCTCCTGAGCCTAGGCAATAGCTGTAGGGTGACTTCTGAGCCATCCCCG 300

Qy   301 TTTCCCCGCCCCCAAAAGAAGCCGAGATTAAGGGAGACGTGCGGCCCAGAGCTGGGGAA 360
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   301 TTTCCCCGCCCCCAAAAGAAGCCGAGATTAAGGGAGACGTGCGGCCCAGAGCTGGGGAA 360

Qy   361 ATGGGCCCGCAGCCAGGCCGGCCGCCTTCTCCTCCTGATGCTTTGCAGACCGCGGGTCCTG 420
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   361 ATGGGCCCGCAGCCAGGCCGGCCGCCTTCTCCTCCTGATGCTTTGCAGACCGCGGGTCCTG 420

Qy   421 CAGGGGCGCTTGCTGCGTGCGAGGTCCGAGTCCGGGCGGCGAACTAGGGCGGCGGGGGTG 480
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   421 CAGGGGCGCTTGCTGCGTGCGAGGTCCGAGTCCGGGCGGCGAACTAGGGCGGCGGGGGTG 480

Qy   481 GAAAAATCGAAACTAGCTTTTTCTTTGCGCTTGGAGTTTGCTAACTTTGGAGGACCTGC 540
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   481 GAAAAATCGAAACTAGCTTTTTCTTTGCGCTTGGAGTTTGCTAACTTTGGAGGACCTGC 540

Qy   541 TCAACCCTATCCGCAAGCCCCTCCTACTTTCTGCGTCCAGACCCCGTGAGGGAGTGC 600
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   541 TCAACCCTATCCGCAAGCCCCTCCTACTTTCTGCGTCCAGACCCCGTGAGGGAGTGC 600

Qy   601 CTACCACTGAACTGCAGATAGGGCCCTCCGCCCGCCCCAGGACCTGCCCCCGGCTGT 660
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   601 CTACCACTGAACTGCAGATAGGGCCCTCCGCCCGCCCCAGGACCTGCCCCCGGCTGT 660

Qy   661 CCCGGCTCTGCGGAGTGACTTTGGAACCGCCACTCCCTTCCCCCAACTAGAATGCTTT 720
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   661 CCCGGCTCTGCGGAGTGACTTTGGAACCGCCACTCCCTTCCCCCAACTAGAATGCTTT 720

Qy   721 TAAATAAATCTGTAGTTCCTCACTTGAGCTGAGCTAAGCCTCGGCTCCTTGAACCTGG 780
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   721 TAAATAAATCTGTAGTTCCTCACTTGAGCTGAGCTAAGCCTCGGCTCCTTGAACCTGG 780

Qy   781 AACTCGGGTTTATTTCCAATGTCAGCTGTGCAGTTTTTCCCAGTCATCTCCAAACAGG 840
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   781 AACTCGGGTTTATTTCCAATGTCAGCTGTGCAGTTTTTCCCAGTCATCTCCAAACAGG 840

Qy   841 AAGTTCTTCCCTGAGTGCTTGCCGGAGAGGCTGAGCAAACCCACAGCAGGATCCGCACGG 900
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   841 AAGTTCTTCCCTGAGTGCTTGCCGGAGAGGCTGAGCAAACCCACAGCAGGATCCGCACGG 900

Qy   901 GGTTTCCACCTCAGAACGAATGCGTTGGGCGGTTGGGGCGGCGAAAGAGTGGCGTTGGGGA 960
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   901 GGTTTCCACCTCAGAACGAATGCGTTGGGCGGTTGGGGCGGCGAAAGAGTGGCGTTGGGGA 960

Qy   961 TCTGAATTCTTCACCCATTCCACCCACTTTTGGTGACGCCTTTGTGAGACCTGGGGTGGAGGTCTCTAGGGT 1020
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   961 TCTGAATTCTTCACCCATTCCACCCACTTTTGGTGACGCCTTTGTGAGACCTGGGGTGGAGGTCTCTAGGGT 1020

Qy  1021 GGGAGGCTCCTGAGAGAGGCCTACCTCGGGCCTTTCCCCACTCTCGGGCCTTTCCCCACTCTCGGCCAATTGTTCTTTT 1080
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1021 GGGAGGCTCCTGAGAGAGGCCTACCTCGGGCCTTTCCCCACTCTCGGGCCTTTCCCCACTCTCGGCCAATTGTTCTTTT 1080

Qy  1081 GCCTGAAAATTAAGTATAGTTAGTTGGAACGTTGAACTGAACAATTCTCTTTTCCG 1140
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1081 GCCTGAAAATTAAGTATAGTTAGTTGGAACGTTGAACTGAACAATTCTCTTTTCCG 1140

Qy  1141 CTAGGCTTTATTGATTTGCAATGTCGTGTGTAATTAAGAGGCCTCTCTACAAGTACTGA 1200
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1141 CTAGGCTTTATTGATTTGCAATGTCGTGTGTAATTAAGAGGCCTCTCTACAAGTACTGA 1200

Qy  1201 TAATGAACATGTAAGCAATCCACTCACTTGTCTAAGTTACATTCATATCTGATCTTATTGA 1260
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1201 TAATGAACATGTAAGCAATCCACTCACTTGTCTAAGTTACATTCATATCTGATCTTATTGA 1260

Qy  1261 TTTTCACTAGGCATAGGGAGGTAGGAGCTAATAATAACGTTTATTTTACTAGAAGTTAACT 1320
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1261 TTTTCACTAGGCATAGGGAGGTAGGAGCTAATAATAACGTTTATTTTACTAGAAGTTAACT 1320

Qy  1321 GGAATTCAGATTATATAACTCTTTTCAGGTTACAAAAGAACATAAATAATCTGGTTTCTG 1380
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1321 GGAATTCAGATTATATAACTCTTTTCAGGTTACAAAAGAACATAAATAATCTGGTTTCTG 1380

Qy  1381 ATGTTATTTCAAGTACTACAGCTGCTTCTAATCTTAGTTGACAGTGATTTTGCCCTGTAG 1440
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1381 ATGTTATTTCAAGTACTACAGCTGCTTCTAATCTTAGTTGACAGTGATTTTGCCCTGTAG 1440

Qy  1441 TGTAGCACAGTGTTCTGTGGGTCACGCGGCCTCCAGCACGACACTTTGAGTTTTGGTA 1500
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1441 TGTAGCACAGTGTTCTGTGGGTCACGCGGCCTCCAGCACGACACTTTGAGTTTTGGTA 1500

Qy  1501 CTACGTGTATCCACATTTACACATGACAAGAATGAGGCGACGGCCTCATGTCTCCACTTCATAGC 1560
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1501 CTACGTGTATCCACATTTACACATGACAAGAATGAGGCGACGGCCTCATGTCTCCACTTCATAGC 1560

Qy  1561 CAAATTTAATTCAATGGTACACTGGCTTTGCTAACTTTGGTGGCAGAGCTCATGTTGAGCAG 1620
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1561 CAAATTTAATTCAATGGTACACTGGCTTTGCTAACTTTGGTGGCAGAGCTCATGTTGAGCAG 1620

Qy  1621 TATGATTCTTAAACATCACACTGCATTAGAGGTTGAATAATAAAATTCATGTTGAGCAG 1680
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1621 TATGATTCTTAAACATCACACTGCATTAGAGGTTGAATAATAAAATTCATGTTGAGCAG 1680

Qy  1681 AAATATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGTCCAGCCATGTGTTGCACTGTTCAAGCCC 1740
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1681 AAATATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGTCCAGCCATGTGTTGCACTGTTCAAGCCC 1740

Qy  1741 CAAGGGAGAGCAGGGAAACAAGTCTTTACCCTTTGATATTTTGCATTCTAGTGGGAGA 1800
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1741 CAAGGGAGAGCAGGGAAACAAGTCTTTACCCTTTGATATTTTGCATTCTAGTGGGAGA 1800

Qy  1801 GATGACAATAAGCAAATGAGCAGAAAGATATACAACATCAGGAAATCATGGGTGTTGTGA 1860
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1801 GATGACAATAAGCAAATGAGCAGAAAGATATACAACATCAGGAAATCATGGGTGTTGTGA 1860

Qy  1861 GAAGCAGAGAAGTCAGGGGCAAGTCACTCTGGGGCTGACACTTGAGCAGAGACATGAAGGA 1920
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1861 GAAGCAGAGAAGTCAGGGGCAAGTCACTCTGGGGCTGACACTTGAGCAGAGACATGAAGGA 1920

Qy  1921 AATAAGAATGATATTGACTGGGAGCAGCTAAAGCAAACTGAGTGGGCCTGGCCTGGCAAG 1980
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1921 AATAAGAATGATATTGACTGGGAGCAGCTAAAGCAAACTGAGTGGGCCTGGCCTGGCAAG 1980

Qy  1981 TTGGATTAAAAAGCGGGTTTTCTCAGCACTACTCATGTGTGTGTGGGGGA 2040
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1981 TTGGATTAAAAAGCGGGTTTTCTCAGCACTACTCATGTGTGTGTGGGGGG 2040

Qy  2041 CGGCCGTGGGGGTGGGAAGGGGGACTACCATCTGCATGTAGGATGTCTCAGCAGTATCCTGT 2100
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2041 CGGCCGTGGGGGTGGGAAGGGGGACTACCATCTGCATGTAGGATGTCTCAGCAGTATCCTGT 2100
```

us-09-497-957-3.rni

```
Qy  2101  CCTCCCTACTCACTTAGGTGCTAGGAGCACTCCCCCAGTCTTGACAACCAAAAATGTCTCT  2160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2101  CCTCCCTACTCACTTAGGTGCTAGGAGCACTCCCCCAGTCTTGACAACCAAAAATGTCTCT  2160

Qy  2161  AACTTGCCACATGTCACCTAGTAGACAAACTCCTGGTTAAGAAGCTCGGGTTGAAAAA     2220
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2161  AACTTGCCACATGTCACCTAGTAGACAAACTCCTGGTTAAGAAGCTCGGGTTGAAAAA     2220

Qy  2221  AATAAACAAGTAGTGCTGGGGAGTAGAGGCCAAGAAGTAGGTAATGGGCTCAGAAGAGGA   2280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2221  AATAAACAAGTAGTGCTGGGGAGTAGAGGCCAAGAAGTAGGTAATGGGCTCAGAAGAGGA   2280

Qy  2281  GCCACAAACAAGGTTGTCGCAGGCGCCTGTAGGCTGTGTGTGTGAATTCTAGCCAAGGAGTA  2340
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2281  GCCACAAACAAGGTTGTCGCAGGCGCCTGTAGGCTGTGTGTGTGAATTCTAGCCAAGGAGTA  2340

Qy  2341  ACAGTGATCGTCTGTCACCAGGCTTTAAAAGATTGCTCTGGCTGCTATGTGAAAGCAGAATG  2400
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2341  ACAGTGATCGTCTGTCACCAGGCTTTAAAAGATTGCTCTGGCTGCTATGTGAAAGCAGAATG  2400

Qy  2401  AAGGGAGCAACAGTAAAAGCAGGAGGCCCAGGAAGCTGTTACACCAGTCCAGGCAAG      2460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2401  AAGGGAGCAACAGTAAAAGCAGGAGGCCCAGGAAGCTGTTACACCAGTCCAGGCAAG      2460

Qy  2461  AGGTAGTGGAGTGGGCTGGGTGGGAACAGAAAAAGGGAGTGACAAACCATTGTCCTCCTGAA  2520
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2461  AGGTAGTGGAGTGGGCTGGGTGGGAACAGAAAAAGGGAGTGACAAACCATTGTCCTCCTGAA  2520

Qy  2521  TATATTCTGAAGGAGTTGCTGAAGATTCTATGTGTGTGAGAGAAGAGAAGAATTGG       2580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2521  TATATTCTGAAGGAGTTGCTGAAGATTCTATGTGTGTGAGAGAAGAGAAGAATTGG       2580

Qy  2581  CTGGGTGTAGTAGCTGCATCATGCCAAGGAGGAGGCCAAGAGCAGATTCCTGAGCTCAGGA   2640
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2581  CTGGGTGTAGTAGCTGCATCATGCCAAGGAGGAGGCCAAGAGCAGATTCCTGAGCTCAGGA   2640

Qy  2641  GTTCAAGACCAGCCTGGGCAACACAGCAAAACCCTTCTCTACAAAAAAATACAAAAAATTA  2700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2641  GTTCAAGACCAGCCTGGGCAACACAGCAAAACCCTTCTCTACAAAAAAATACAAAAAATTA  2700

Qy  2701  GCTGGGTGTGGTGGCATGCACCTGTAGTCCCAGCTACTCGGGAGGCTGAGGTGAGGGTA    2760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2701  GCTGGGTGTGGTGGCATGCACCTGTAGTCCCAGCTACTCGGGAGGCTGAGGTGAGGGTA    2760

Qy  2761  TTGCTTGAGCCCAGGAAGTTGAGCCTGCAGTGAGCCATGACTGTGCCACTGTACTTCAGC  2820
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2761  TTGCTTGAGCCCAGGAAGTTGAGCCTGCAGTGAGCCATGACTGTGCCACTGTACTTCAGC  2820

Qy  2821  CTAGGTGACAGAGCAAGACCCTGTCTCCCCTGACCCCTGAAAAAGAGAAGAGTTAAAGT    2880
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2821  CTAGGTGACAGAGCAAGACCCTGTCTCCCCTGACCCCTGAAAAAGAGAAGAGTTAAAGT    2880

Qy  2881  TGACTTGTTCTTATTTAATTTATTGGCCTGACAGTGGGGTAATTGCCAATGCCAT       2940
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2881  TGACTTGTTCTTATTTAATTTATTGGCCTGACAGTGGGGTAATTGCCAATGCCAT       2940

Qy  2941  TTCTGAGATGGTGAAGGCAGTTTGGGGTAAATCAAGGATCTGCATTTG            3000
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2941  TTCTGAGATGGTGAAGGCAGTTTGGGGTAAATCAAGGATCTGCATTTG            3000

Qy  3001  GGACAGTTAAGTTTGAGATTTCCAGGCTCAGGCTTCCAAGTGTGAGGCCACATAGGCAGTT  3060
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3001  GGACAGTTAAGTTTGAGATTTCCAGGCTCAGGCTTCCAAGTGTGAGGCCACATAGGCAGTT  3060

Qy  3061  CAGTGTAAGAATTCAGGACCAGGCTGGGCACGGTGGCTCACTCTGTAATCCCAGCACT     3120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3061  CAGTGTAAGAATTCAGGACCAGGCTGGGCACGGTGGCTCACTCTGTAATCCCAGCACT     3120

Qy  3121  TTGGTGGCTGAGGCAGTGATCATTTGAGTCAGGAGTTTGAGACAAGCCTGGCCAACA      3180
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3121  TTGGTGGCTGAGGCAGTGATCATTTGAGTCAGGAGTTTGAGACAAGCCTGGCCAACA      3180
```

```
Qy  3181  TGGTGAAACCCCATGTCTACTAAAAATACAAAAAATTAGCCTGGTGTGGTGGCGCACGCCT  3240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3181  TGGTGAAACCCCATGTCTACTAAAAATACAAAAAATTAGCCTGGTGTGGTGGCGCACGCCT  3240

Qy  3241  ATAGTCCCAGGTTTCAGGAGGCTTAGGTAGGAGAATCCCTGAACCCAGGAGGTGCAGG     3300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3241  ATAGTCCCAGGTTTCAGGAGGCTTAGGTAGGAGAATCCCTGAACCCAGGAGGTGCAGG     3300

Qy  3301  TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGATAGAGTGAGACTCTGT  3360
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3301  TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGATAGAGTGAGACTCTGT  3360

Qy  3361  CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATTTGGG    3420
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3361  CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATTTGGG    3420

Qy  3421  TCTAATTTGCCCTGAGCACCAACTCCTGAGTTCAACTGCTAGACACACCTTAAC        3480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3421  TCTAATTTGCCCTGAGCACCAACTCCTGAGTTCAACTGCTAGACACACCTTAAC        3480

Qy  3481  ATTTTCTAGAATCCACCAGCTTTAGTGGAGTCTGTCTAATCATGAGTATTGGAATAGGAT  3540
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3481  ATTTTCTAGAATCCACCAGCTTTAGTGGAGTCTGTCTAATCATGAGTATTGGAATAGGAT  3540

Qy  3541  CTGGGGCAGTGAGGGGGTGGCAGCCACGTGTGGCAGAGAAAAGCACACAAGGAAAGAGC    3600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3541  CTGGGGCAGTGAGGGGGTGGCAGCCACGTGTGGCAGAGAAAAGCACACAAGGAAAGAGC    3600

Qy  3601  ACCCAGGACTGTCATATGGAAGAAGAAGACGACTGCAACTCACCCTTCACAAAATGAGGA  3660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3601  ACCCAGGACTGTCATATGGAAGAAGAAGACGACTGCAACTCACCCTTCACAAAATGAGGA  3660

Qy  3661  CCAGACACAGCTGATGGTATGAGTTGATCGAGGTGTGTGGAGCCTCAACATCCTGCTCCC  3720
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3661  CCAGACACAGCTGATGGTATGAGTTGATCGAGGTGTGTGGAGCCTCAACATCCTGCTCCC  3720

Qy  3721  CTCCTACTACACATGGTTAAGGCCTGTTGCTCTGTCTCCCAGGTTCACACTCTCTGCACTA  3780
          |||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3721  CTCCTACTACACATGGTTAAGGCCTGTTGCTCTGTCTCCCAGGTTCACACTCTCTGCACTA  3780

Qy  3781  CCTCTTCATGGGTGCCTCAGAGCAGGACCTTGGTCTTTCCTTGTTGAAGCTTTGGGCTA   3840
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3781  CCTCTTCATGGGTGCCTCAGAGCAGGACCTTGGTCTTTCCTTGTTGAAGCTTTGGGCTA   3840

Qy  3841  CGTGGATGACCAGCTGTTCGTGTTCTATGATCATGAGAGTCGCCGTGTGGAGCCCCGAAC  3900
          ||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||
Db  3841  CGTGGATGACCAGCTGTTCGTGTTCTATGATGATGAGAGTCGCCGTGTGGAGCCCCGAAC  3900

Qy  3901  TCCATGGTTTCCAGTAGAATTCAAGCCAGATTCAAGCCAGATGTGGCTGCAGCTGAGTCTGAA  3960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3901  TCCATGGTTTCCAGTAGAATTCAAGCCAGATTCAAGCCAGATGTGGCTGCAGCTGAGTCTGAA  3960

Qy  3961  AGGGTGGGATCACATGTTCCTGGAGAGGGGCCTTCCTGAGAGTCTGGGGAGCCTATTCCTT  4020
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3961  AGGGTGGGATCACATGTTCCTGGAGAGGGGCCTTCCTGAGAGTCTGGGGAGCCTATTCCTT  4020

Qy  4021  CAAGGGTATCTGGAGGAAACAGCTGGAAGTCTGAAGTCGAGGTTTGTCAGAGCTTTCATCTTTTC  4080
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4021  CAAGGGTATCTGGAGGAAACAGCTGGAAGTCTGAAGTCGAGGTTTGTCAGAGCTTTCATCTTTTC  4080

Qy  4081  ATGCATCTTGAAGGAAACAGCTGAAGTCGAGGTCCTTGTGGGGATGGTGGAAATACACCACAG  4140
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4081  ATGCATCTTGAAGGAAACAGCTGAAGTCGAGGTCCTTGTGGGGATGGTGGAAATACACCACAG  4140

Qy  4141  GAATTTGCTTCCTGAGATCATCATTGGTCCTTGTGGGGATGGTGGAAATAGGGACCTATTCCTT  4200
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4141  GAATTTGCTTCCTGAGATCATCATTGGTCCTTGTGGGGATGGTGGAAATAGGGACCTATTCCTT  4200

Qy  4201  TGGTTGCAGTTAACAAGGCTGGGGATTTTCCAGAGTCCAGAGTCCCACACCCTGCAGTCATCCTG  4260
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4201  TGGTTGCAGTTAACAAGGCTGGGGATTTTCCAGAGTCCAGAGTCCCACACCCTGCAGTCATCCTG  4260

Qy  4261  GGCTGTGAAATGCAAGAAGCAACAGTACCGGAGGCTACTGGAGTACGGGTATGATGGG       4320
```

```
Db        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||  4320
          GGCTGTGAAATGCAAGAGAGACAACAGTACCGAGGGCTACTGGAAGTGGGTATGGGATGGG

Qy  4321  CAGGACCACCTTGAATTCTGCCCTGACACACTGGATTGGAGAGCAGCAGAACCCAGGGCC  4380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4321  CAGGACCACCTTGAATTCTGCCCTGACACACTGGATTGGAGAGCAGCAGAACCAGGGCC   4380

Qy  4381  TGCCCCACCAAGCTGGAGTGGGAAAGGCCACAGAATTCGGGCCAGGACAGAGGCCTAC    4440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4381  TGCCCCACCAAGCTGGAGTGGGAAAGGCCACAGAATTCGGGCCAGGACAGAGGCCTAC    4440

Qy  4441  CTGGAGAGGGACTGCCCTGCACAGTCTGCAGCAGTTGCTGGGAGCTGGGAGGTGTTTTG   4500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4441  CTGGAGAGGGACTGCCCTGCACAGTCTGCAGCAGTTGCTGGGAGCTGGGAGGTGTTTTG   4500

Qy  4501  GACCAAGAGGTATGGTGGAAACACACTTCTGCCCCTATACTCTAGTGGCAGAGTGGGAGG  4560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4501  GACCAAGAGGTATGGTGGAAACACACTTCTGCCCCTATACTCTAGTGGCAGAGTGGGAGG  4560

Qy  4561  AGGTTGCAGGGCCACGAATCCCTGGTTGGAGTTCAGAGGTTCAGAGGCTGGCTGTGTCCTC 4620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4561  AGGTTGCAGGGCCACGAATCCCTGGTTGGAGTTCAGAGGTTCAGAGGCTGGCTGTGTCCCTC 4620

Qy  4621  TGAGACAGCCCAAAGTTCATGGTTTAATTTCTTTTCTCCATGCATATGGCTCAAAGGGAA  4680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4621  TGAGACAGCCCAAAGTTCATGGTTTAATTTCTTTTCTCCATGCATATGGCTCAAAGGGAA  4680

Qy  4741  GTGTCTATGGCCCTTGCTTTATTATTTAACCAATAATCTTTTGTATATTTATACCTGTTA  4800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4741  GTGTCTATGGCCCTTGCTTTATTATTTAACCAATAATCTTTTGTATATTTATACCTGTTA  4800

Qy  4801  AAATTCAGAAAGTCAAGGCGCGGGACGCGGGAATCCTCACCCCGTAATCCCAGCACTTTGGG 4860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4801  AAATTCAGAAAGTCAAGGCGCGGGACGCGGGAATCCTCACCCCGTAATCCCAGCACTTTGGG 4860

Qy  4861  AGGCCGAGGCGGGTGGTGCTCAAGGTCAGGAGTTCGAGACCAGCCTGACCAACATGGTGAA 4920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4861  AGGCCGAGGCGGGTGGTGCTCAAGGTCAGGAGTTCGAGACCAGCCTGACCAACATGGTGAA 4920

Qy  4921  ACCCGTCTCTAAAAAATACAAAAATTAGCTGGGTCATGCGGACGTCACCTGTAGTCCCA   4980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4921  ACCCGTCTCTAAAAAATACAAAAATTAGCTGGGTCATGCGGACGTCACCTGTAGTCCCA   4980

Qy  4981  GCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGAGCATCGCTTGAACCTGGGAAGCGGAAGTTGCACTGA  5040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4981  GCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGAGCATCGCTTGAACCTGGGAAGCGGAAGTTGCACTGA  5040

Qy  5041  GCCAAGATCGCGCCACTGCACTCCAGCCTGCGCAGCAGAGCGAGACTCCATCTTAAAAAA  5100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5041  GCCAAGATCGCGCCACTGCACTCCAGCCTGCGCAGCAGAGCGAGACTCCATCTTAAAAAA  5100

Qy  5101  AAAAAAAAAAAAAGAGAATTCAGAGATCTCAGCTATCATATGAATACCAGGACAAA      5160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5101  AAAAAAAAAAAAAGAGAATTCAGAGATCTCAGCTATCATATGAATACCAGGACAAA      5160

Qy  5161  ATATCAAGTGAGGCCACTTATCAGAAGAATCCTTTAGGTTAAAAGTTTCTTCAT       5220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5161  ATATCAAGTGAGGCCACTTATCAGAAGAATCCTTTAGGTTAAAAGTTTCTTCAT       5220

Qy  5221  AGAACACATAGCAATAATCACTGAAGCTACTTCCCGCTTCTTATAACCAATGC        5280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5221  AGAACACATAGCAATAATCACTGAAGCTACTTCCCGCTTCTTATAACCAATGC        5280

Qy  5281  CTCCTAGGTTGACCCCAGGTGAAACTGAAAACTGACCATCTGTATTCAATCATTTCAAT   5340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5281  CTCCTAGGTTGACCCCAGGTGAAACTGAAAACTGACCATCTGTATTCAATCATTTCAAT   5340

Qy  5341  AGGGCAATTTATCTATCAGACAAAGAACATGGTAACACAGATGTATATTACATGTG      5400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5341  AGGGCAATTTATCTATCAGACAAAGAACATGGTAACACAGATGTATATTACATGTG      5400
```

```
Db  5341  AGGGCAATTTATCTATCAGACAAAGAACATGGTAACACAGATGTATATTACATGTG      5400

Qy  5401  AGGAGAACAAGCTGATCTGACTGACTGCTCTCCAAGTGACACTGTGTTGAGTCCAATCTTAGG 5460
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5401  AGGAGAACAAGCTGATCTGACTGACTGCTCTCCAAGTGACACTGTGTTGAGTCCAATCTTAGG 5460

Qy  5461  ACACAAAATGGTGTCTCTCCTCGTAGCTGTTGTTTTCTGAAAAGGGTATTTCCTTCCTCCC  5520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5461  ACACAAAATGGTGTCTCTCCTCGTAGCTGTTGTTTTTCTGAAAAGGGTATTTCCTTCCTCC   5520

Qy  5521  AACCTATAGAAGGAAGTGAAAGTTCCAGTCTTCCTGCCAAGGGTAAACAGATCCCCTCTC   5580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5521  AACCTATAGAAGGAAGTGAAAGTTCCCAGTCTTCCTGCCAAGGGTAAACAGATCCCCTCTC   5580

Qy  5581  CTCATCCTTCCTTCCTTCCTTCCTTCTTCTCAAGTGCCTTCGGCCCCTTGCTGAAGGTGACACATCATGTGACC 5640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5581  CTCATCCTTCCTTCCTTCCTTCCTTCTTCTCAAGTGCCTTCGGCCCCTTGCTGAAGGTGACACATCATGTGACC 5640

Qy  5641  TCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGGCGCTGGCTGCTGCTCGAGGCTGTGTGTGCCTC   5700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5641  TCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGGCGCTGGCTGCTGCTCGAGGCTGTGTGTGCCTC   5700

Qy  5701  AAGTGGCTGAAGGATAAGCAGCCAATGGATGCCAAGGGGCTGGGGTGGGGTTGGGGTTGGC  5760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5701  AAGTGGCTGAAGGATAAGCAGCCAATGGATGCCAAGGGGCTGGGGTGGGGTTGGGGTTGGC  5760

Qy  5761  CCCAATGGGGATGGGACCTACCAGGGCTGGATAACCTTGGCTGTGTACCCCCGTGGGAAGAG 5820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5761  CCCAATGGGGATGGGACCTACCAGGGCTGGATAACCTTGGCTGTGTACCCCCGTGGGAAGAG 5820

Qy  5821  CAGAGATATACGTGGAGGTGGAGCACCCAGGCCTGGATCAGCCCCTCATTGTGATCTGG    5880
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5821  CAGAGATATACGTGGAGGTGGAGCACCCAGGCCTGGATCAGCCCCTCATTGTGATCTGG    5880

Qy  5881  GGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGACTGAGATGAGGATCTGCTCTCTTTGTTTTAGGTTGCC 5940
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5881  GGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGACTGAGATGAGGATCTGCTCTCTTTGTTTTAGGTTGCC 5940

Qy  5941  TGAGGAGGTAATTATGCAGTGAAGGCTTTAACTTGCTTTTGTGTTTTGTCGTTCATGGAATTT 6000
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5941  TGAGGAGGTAATTATGCAGTGAAGGCTTTAACTTGCTTTTGTGTTTTGTCGTTCATGGAATTT 6000

Qy  6001  GTGGCAATCAAAGGCTTGCCCCAGGCACAGTGGGAAGAGGGGCAGAGGGCCATGGG       6060
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6001  GTGGCAATCAAAGGCTTGCCCCAGGCACAGTGGGAAGAGGGGCAGAGGGCCATGGG       6060

Qy  6061  TAGTCATTGGAGTCATCAGTGGAAGCTGAGAGGGCAGCTCCCTGGGACACCAGCAGAGTCTCT 6120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6061  TAGTCATTGGAGTCATCAGTGGAAGCTGAGAGGGCAGCTCCCTGGGACACCAGCAGAGTCTCT 6120

Qy  6121  TGTTCATAATATTATTAAGGAGACTCTAATTCAACAAACATCTTCAGAGCACCTACTAT     6180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6121  TGTTCATAATATTATTAAGGAGACTCTAATTCAACAAACATCTTCAGAGCACCTACTAT     6180

Qy  6181  TAGTACCTCTGCCCCAGGGCACAGTGGGAAGAGGGGATCTGGCATCCATCCATGGG       6240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6181  TAGTACCTCTGCCCCAGGGCACAGTGGGAAGAGGGGATCTGGCATCCATCCATGGG       6240

Qy  6241  AAGCATTTTCTCTCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCAGATGAAAGTTTCTTATAACAATGC 6300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6241  AAGCATTTTCTCTCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCAGATGAAAGTTTCTTATAACAATGC 6300

Qy  6301  AATGGTTCTCCCCCAGAATCCCTTTGGGGGGGACACCACCACCCAGTTGAGAGTCACCATGGG 6360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6301  AATGGTTCTCCCCCAGAATCCCTTTGGGGGGGACACCACCACCCAGTTGAGAGTCACCATGGG 6360

Qy  6361  TTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTTACAGGGGCTTTGAGGTTCACTGTGGCTAT          6420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6361  TTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTTACAGGGGCTTTGAGGTTCACTGTGGCTAT          6420

Qy  6421  TCTCAGAACCCAAATCTGTGTAGGGAATGTAACAGATATGTATATTTACATGTG        6480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6421  TCTCAGAACCCAAATCTGTGTAGGGAATGTAACAGATATGTATATTTACATGTG        6480
```

```
Qy   6481  ACCCCATGAGGTCCTAAAGCAGGCAGGAAGCAAATGCTTAGGGTGTGTCAAAGGAAAGAATG  6540
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6481  ACCCCATGAGGTCCTAAAGCAGGCAGGAAGCAAATGCTTAGGGTGTGTCAAAGGAAAGAATG  6540

Qy   6541  ATCACATTCAGCTGGGATCAAGAGATAGCCTTCTGGATCTTGAAGGAGAAGCTGATTCCA  6600
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6541  ATCACATTCAGCTGGGATCAAGAGATAGCCTTCTGGATCTTGAAGGAGAAGCTGATTCCA  6600

Qy   6601  TTAGGTGAGGTTGAAGATGATGGGAGGTCTACACAGACGGAGCAACCATGCCAAGTAGGA  6660
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6601  TTAGGTGAGGTTGAAGATGATGGGAGGTCTACACAGACGGAGCAACCATGCCAAGTAGGA  6660

Qy   6661  GAGTATAAGGCATACTGGGAGATTAGAAATAATTACTGTACCCTTAACCCTGAGTTTGCGT  6720
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6661  GAGTATAAGGCATACTGGGAGATTAGAAATAATTACTGTACCCTTAACCCTGAGTTTGCGT  6720

Qy   6721  AGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCTACCCCCTGAACATCTGGTGTAGGGAAAAGA  6780
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6721  AGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCTACCCCCTGAACATCTGGTGTAGGGAAAAGA  6780

Qy   6781  GAATCAGAAGAGAAGCCAGCTCATACAGAGTCTCTTTGGGATATTGGGTTATGA  6840
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6781  GAATCAGAAGAGAAGCCAGCTCATACAGAGTCTCTTTGGGATATTGGGTTATGA  6840

Qy   6841  TCACTGGGGTGTCATTGAAGATCCTAAGAAAGAGGACCACGATCTCCCTTATATGGTG  6900
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6841  TCACTGGGGTGTCATTGAAGATCCTAAGAAAGAGGACCACGATCTCCCTTATATGGTG  6900

Qy   6901  AATGTGTGTTAAGAAGTTAGATGAGAGGTGAGGAGAGTTGAGAGAGCCAATAAGCAT  6960
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6901  AATGTGTGTTAAGAAGTTAGATGAGAGGTGAGGAGAGTTGAGAGAGCCAATAAGCAT  6960

Qy   6961  TTCCAGATGAGAGATAATGTTCTTGAAATCCAATAGTGCCCAGTCTAAATTGAGATGG  7020
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6961  TTCCAGATGAGAGATAATGTTCTTGAAATCCAATAGTGCCCAGTCTAAATTGAGATGG  7020

Qy   7021  GTGAATGAGGAAAATAAGGAAGAAGAGAGGCAAGAGGCAAGATGTGCCTAGGTTTGTGATGCCT  7080
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7021  GTGAATGAGGAAAATAAGGAAGAAGAGAGGCAAGAGGCAAGATGTGCCTAGGTTTGTGATGCCT  7080

Qy   7081  CTTTCCTGGGTCTCTTGTCTCCCACAGGAGGAGCCATGGGGAGCTACGTCTTAGCTGAACG  7140
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7081  CTTTCCTGGGTCTCTTGTCTCCCACAGGAGGAGCCATGGGGAGCTACGTCTTAGCTGAACG  7140

Qy   7141  TGAGTGACACGCAGCCTGCACAGCTCACTGTGGGAGGAGACAAAACTAGAGACTCAAAGA  7200
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7141  TGAGTGACACGCAGCCTGCACAGCTCACTGTGGGAGGAGACAAAACTAGAGACTCAAAGA  7200

Qy   7201  GGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCAGGAGTGCCGGTGATCCCTAGCTGTGAACCTAAACATAGAAATT  7260
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7201  GGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCAGGAGTGCCGGTGATCCCTAGCTGTGAACCTAAACATAGAAATT  7260

Qy   7261  GCCTGACGAACTCCTTGATTTTAGCCTTCTGTTCCTTCATTTCCGTCGTGACCTCCCAT  7320
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7261  GCCTGACGAACTCCTTGATTTTAGCCTTCTGTTCCTTCATTTCCGTCGTGACCTCCCAT  7320

Qy   7321  TTAGGTTTCTGAGTTCTGCATGCCGGTGATCCCGGTGATCCGGTGAACCCTGGAACTG  7380
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7321  TTAGGTTTCTGAGTTCTGCATGCCGGTGATCCCGGTGATCCGGTGAACCCTGGAACTG  7380

Qy   7381  TCTCTACACTGCAAGCTCAGCTGCATCTAGAGGCTTCCTTCATTTCCGTCACCTCAGAG  7440
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7381  TCTCTACACTGCAAGCTCAGCTGCATCTAGAGGCTTCCTTCATTTCCGTCACCTCAGAG  7440

Qy   7441  ACATACACCTATGTCATTTAACATCTGAGAAAGCTTTGAAACCCTGGGAAATTTGGGGGA  7500
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7441  ACATACACCTATGTCATTTAACATCTGAGAAAGCTTTGAAACCCTGGGAAATTTGGGGGA  7500

Qy   7501  CTTACATGATTCATTTAACATCTGAGAAAGCTTGAACCCTGGGACGTGCGCTAGTCAT  7560
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7501  CTTACATGATTCATTTAACATCTGAGAAAGCTTGAACCCTGGGACGTGCGCTAGTCAT  7560
```

```
Qy   7561  AACCTTACCAGATTTTTACACATGTATCTATGCATTTCTGACCCGTTCAACTTTTCCT  7620
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7561  AACCTTACCAGATTTTTACACATGTATCTATGCATTTCTGACCCGTTCAACTTTTCCT  7620

Qy   7621  TTGAATCCTCTCTCGTGTTACCCAGTAACTCATCTGTCACCAAGCCTTGGGATTCTTC  7680
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7621  TTGAATCCTCTCTCGTGTTACCCAGTAACTCATCTGTCACCAAGCCTTGGGATTCTTC  7680

Qy   7681  CATCTGATTGTGATGTGAGTTGCACAGCTGACAGAGGCGTCTACACTGCACGAATGGAAGAG  7740
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7681  CATCTGATTGTGATGTGAGTTGCACAGCTGACAGAGGCGTCTACACTGCACGAATGGAAGAG  7740

Qy   7741  GCACCTGTCCCAGAAAAAGCATCATCGTGTGGGTAGTATGATGGGGTGTTTTTAGC  7800
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7741  GCACCTGTCCCAGAAAAAGCATCATCGTGTGGGTAGTATGATGGGGTGTTTTTAGC  7800

Qy   7801  AGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGGTGTGAAGAGGTGTTTTTCTAAATTGGCATGA  7860
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7801  AGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGGTGTGAAGAGGTGTTTTTCTAAATTGGCATGA  7860

Qy   7861  AGGTCATACAGATTTGCAAAGTTAATGGTGCCTTCATTTGGGATGCTACTCTAGTAT  7920
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7861  AGGTCATACAGATTTGCAAAGTTAATGGTGCCTTCATTTGGGATGCTACTCTAGTAT  7920

Qy   7921  TCCAGACCTGAAGAATCACAATAATTTCTACCTGGTCTCTCCTTGTCTCTGATAATGAAA  7980
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7921  TCCAGACCTGAAGAATCACAATAATTTCTACCTGGTCTCTCCTTGTCTCTGATAATGAAA  7980

Qy   7981  ATTATGATAAGGATGATGATAAAAGCACTTACTTCGTGTCCGACTCTTCTGAGCACCTACTTA  8040
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7981  ATTATGATAAGGATGATGATAAAAGCACTTACTTCGTGTCCGACTCTTCTGAGCACCTACTTA  8040

Qy   8041  CATGCATTACTGCATGCCATCTCTTACAATAATTCTTACAGATAGGTACTATTATCCCCAT  8100
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8041  CATGCATTACTGCATGCCATCTCTTACAATAATTCTTACAGATAGGTACTATTATCCCCAT  8100

Qy   8101  TTCTTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGAAAGTGAAGTAGGCCGGGCACGGTGGCTCACGCCTGTAATCCC  8160
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8101  TTCTTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGAAAGTGAAGTAGGCCGGGCACGGTGGCTCACGCCTGTAATCCC  8160

Qy   8161  AGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGGTGGATCACGGGGTGATCACGGGGCGGAGATCCGAGACCATCCTGGC  8220
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8161  AGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGGTGGATCACGGGGTGATCACGGGGCGGAGATCCGAGACCATCCTGGC  8220

Qy   8221  TAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAATACAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGCAG  8280
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8221  TAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAATACAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGCAG  8280

Qy   8281  ACGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGGAAGGCTGAGGCATGGAATGGCATGAACCCAGGAGG  8340
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8281  ACGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGGAAGGCTGAGGCATGGAATGGCATGAACCCAGGAGG  8340

Qy   8341  CAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTTGCGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGACAGAGTGAGA  8400
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8341  CAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTTGCGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGACAGAGTGAGA  8400

Qy   8401  CTCCATCTCAAAAAATCAAAAATAAAAATAAAAATGAAAAAAAGAAAGTGAAGTA  8460
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8401  CTCCATCTCAAAAAATCAAAAATAAAAATAAAAATGAAAAAAAGAAAGTGAAGTA  8460

Qy   8461  TAGAGTATCTCATAGTTTGTCAGTGATGATGAAACACAGGTTTCAAACTCAGTCACCG  8520
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8461  TAGAGTATCTCATAGTTTGTCAGTGATGATGAAACACAGGTTTCAAACTCAGTCACCG  8520

Qy   8521  TTTGATACATCTCAGACACTACATTCAGTAGTTTAGATGCCTAGAATAAATAGAGAA  8580
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8521  TTTGATACATCTCAGACACTACATTCAGTAGTTTAGATGCCTAGAATAAATAGAGAA  8580

Qy   8581  GGAAGGAGATGGCTCTTCTCTTCTCATTGTCTTCTCTGAGTCGAGCTTGAATCACAT  8640
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8581  GGAAGGAGATGGCTCTTCTCTTCTCATTGTCTTCTCTGAGTCGAGCTTGAATCACAT  8640

Qy   8641  GAAGGGAACAGCAGAAAACAGAAAAACAACCAACTGATCCTCAGCGTGTCATCCAGCTGTCATCCAGCTTCTTAAAAGTC  8700
```

```
Db  8641 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
         GAAGGGAACAGCAGAAAAACAACCAACTGTCATCCTCAGCTGTCATGTTCCTTTCTCATGTTTCCTTTAAAAGTC  8700

Qy  8701 CCTGAAGGAAGGTCCTGGAATGTGACTCCCTTGCTCCCTCGTTGCTCTCTTGGCATTCA  8760
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8701 CCTGAAGGAAGGTCCTGGAATGTGACTCCCTTGCTCCCTCGTTGCTCTCTTGGCATTCA  8760

Qy  8761 TTTCTTTGGACCCTACGCAAGGACTGTAATTGGTGGGACAGCTAGTGCCCTGCTGGGC  8820
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8761 TTTCTTTGGACCCTACGCAAGGACTGTAATTGGTGGGACAGCTAGTGCCCTGCTGGGC  8820

Qy  8821 TTCACACACGGTGTCCTCCTAGGCAGTGCCTCTGGAGTCAGAACTCTGGTGTATTTC  8880
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8821 TTCACACACGGTGTCCTCCTAGGCAGTGCCTCTGGAGTCAGAACTCTGGTGTATTTC  8880

Qy  8881 CCTCAATGAAGTGGAGTAAGCCTCTCTCATTTTGAGATGTATAATGGAAGCCACCAAGTG  8940
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8881 CCTCAATGAAGTGGAGTAAGCCTCTCTCATTTTGAGATGTATAATGGAAGCCACCAAGTG  8940

Qy  8941 GCTTAGAGGATGCCCAGGTCCTTCCATGGAGCCACTGGTTCCGGTGCACATTAAAAAA  9000
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8941 GCTTAGAGGATGCCCAGGTCCTTCCATGGAGCCACTGGTTCCGGTGCACATTAAAAAA  9000

Qy  9001 AAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCTAGATTCTGGAAATCAGTTCACCATGTTCA  9060
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9001 AAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCTAGATTCTGGAAATCAGTTCACCATGTTCA  9060

Qy  9061 AAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTTGAGACTCTATTGCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCATGAT  9120
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9061 AAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTTGAGACTCTATTGCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCATGAT  9120

Qy  9121 CTCGGCTCACTGTAACCTCTGCCTCCCAGGTTCAAGCGATTCTCCTGTCAGCCTCCCA  9180
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9121 CTCGGCTCACTGTAACCTCTGCCTCCCAGGTTCAAGCGATTCTCCTGTCAGCCTCCCA  9180

Qy  9181 AGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCATGCCCGGCTAATTTTTGTATTTTTAGTAGA  9240
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9181 AGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCATGCCCGGCTAATTTTTGTATTTTTAGTAGA  9240

Qy  9241 GACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCTCCTGACCTCGTGATCCGCC  9300
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9241 GACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCTCCTGACCTCGTGATCCGCC  9300

Qy  9301 TGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGGGATTACAGGTGTGAGCCACCACCTGCCCAGCCGTCAAA  9360
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9301 TGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGGGATTACAGGTGTGAGCCACCACCTGCCCAGCCGTCAAA  9360

Qy  9361 AGAGTCTTAATATATATCCAGATGGCATGTGTTACTTTATTGTTACTACACCGGACTTG  9420
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9361 AGAGTCTTAATATATATCCAGATGGCATGTGTTACTTTATTGTTACTACACCGGACTTG  9420

Qy  9421 TTAAACCATTTCTTTTTTTTTGGTTAGAAAAGTTATGTTAGAAAGCTAATTAATTGATTT  9480
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9421 TTAAACCATTTCTTTTTTTTTGGTTAGAAAAGTTATGTTAGAAAGCTAATTAATTGATTT  9480

Qy  9481 ACGGCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAATGAATACAATTAAAGCTGTTATTTAATTAGCCAG  9540
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9481 ACGGCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAATGAATACAATTAAAGCTGTTATTTAATTAGCCAG  9540

Qy  9541 ACAGCTCAGAAGTTCTTCTTTTTTGTGGTTAGCATTAAAGATATCTCATCTCTTCTT  9600
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9541 ACAGCTCAGAAGTTCTTCTTTTTTGTGGTTAGCATTAAAGATATCTCATCTCTTCTT  9600

Qy  9601 TGAAAACTATTAACAACTGTCTATTACCTGTTAGTATTATTGTTGCATTAAAAATGCA  9660
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9601 TGAAAACTATTAACAACTGTCTATTACCTGTTAGTATTATTGTTGCATTAAAAATGCA  9660

Qy  9661 TATACTTTAATAAATGTATATTGTATATTGTATACTGCATGATGTTTATTGAAGTTCTTGTTC  9720
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9661 TATACTTTAATAAATGTATATTGTATATTGTATACTGCATGATGTTTATTGAAGTTCTTGTTC  9720
```

```
Db  9721 TATACTTTAATAAATGTATATTGTATATTGTATACTGCATGATGTTTATTGAAGTTCTTGTTC  9780

Qy  9781 ATCTTGTGTATATACTTAATCGCTTTGTCATTTTGGAGACATTTATTTTGCTTCTAAATTT  9840
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9781 ATCTTGTGTATATACTTAATCGCTTTGTCATTTTGGAGACATTTATTTTGCTTCTAAATTT  9840

Qy  9841 CTTTACATTTTGTCTTACGGAATATTTCATTCAACTGTGGTAGCCGAATTAATCGTGTT  9900
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9841 CTTTACATTTTGTCTTACGGAATATTTCATTCAACTGTGGTAGCCGAATTAATCGTGTT  9900

Qy  9901 TCTTCACTCTAGGGACACATTGTCGTCTAAGTTGTAAGACATTGTTATTTTACCAGCAAAC  9960
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9901 TCTTCACTCTAGGGACACATTGTCGTCTAAGTTGTAAGACATTGTTATTTTACCAGCAAAC  9960

Qy  9961 CATTCTGAAAGCATATGACAAATTATTTCTCTCTTAATATCTTACTATACTGAAAGCAGA  10020
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9961 CATTCTGAAAGCATATGACAAATTATTTCTCTCTTAATATCTTACTATACTGAAAGCAGA  10020

Qy 10021 CTGCTATAAGGCTTCACTTACTCTTCTACCTCATAAGGAATAATGTTACAATTAATTATT  10080
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 10021 CTGCTATAAGGCTTCACTTACTCTTCTACCTCATAAGGAATAATGTTACAATTAATTATT  10080

Qy 10081 AGGTAAGCATTGTTTTATATTGGTTTATTTCACCTGGCTGAGATTTCAAGAAACACC  10140
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 10081 AGGTAAGCATTGTTTTATATTGGTTTATTTCACCTGGCTGAGATTTCAAGAAACACC  10140

Qy 10141 CCAGTCTTCACAGTAACACATTTCACTAACACATTTACTAACACATTTACTACTACGCAACTGTGGCCT  10200
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 10141 CCAGTCTTCACAGTAACACATTTCACTAACACATTTACTAACACATTTACTACTACGCAACTGTGGCCT  10200

Qy 10201 GTTAATTTTTTTAATAGAAATTTTAAGTCCTCATTTTCTTCGGTGTTTTTTTAAGCTTAA  10260
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 10201 GTTAATTTTTTTAATAGAAATTTTAAGTCCTCATTTTCTTCGGTGTTTTTTTAAGCTTAA  10260

Qy 10261 TTTTTCTGGCTTTATTCATTAAATTCTTAAGGTCAACTACATTTGAAAAATCAAAGACCTG  10320
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 10261 TTTTTCTGGCTTTATTCATTAAATTCTTAAGGTCAACTACATTTGAAAAATCAAAGACCTG  10320

Qy 10321 CATTTTAAATTCTTATTCACCTCTGCAAAACCATTCACAAACCATTCACAAACCATTCACAAACCATGTAGTAGAGAA  10380
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 10321 CATTTTAAATTCTTATTCACCTCTGCAAAACCATTCACAAACCATTCACAAACCATTCACAAACCATGTAGTAGAGAA  10380

Qy 10381 GGGTGACACCTGGTGCCATAGGTAAATGTACCACGGTGTCCGTGACCAGAGATGCAG  10440
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 10381 GGGTGACACCTGGTGCCATAGGTAAATGTACCACGGTGTCCGTGACCAGAGATGCAG  10440

Qy 10441 CGCTGAGGGTTTCCTGAAGGTAAAGGAATAAAGAATGGGTGGAGGGGCGTGCACTGGAA  10500
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 10441 CGCTGAGGGTTTCCTGAAGGTAAAGGAATAAAGAATGGGTGGAGGGGCGTGCACTGGAA  10500

Qy 10501 ATCACTTGTAGAGAAAAGCCCCTGAAAATTTGAGAAAACAAGAAACTACTTACCAG  10560
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 10501 ATCACTTGTAGAGAAAAGCCCCTGAAAATTTGAGAAAACAAGAAACTACTTACCAG  10560

Qy 10561 CTATTTGAATTGCTGAATCACCTGATAATCATTGATAATCATTGAGGACTGC  10620
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 10561 CTATTTGAATTGCTGAATCACCTGATAATCATTGATAATCATTGAGGACTGC  10620

Qy 10621 AAGGAAAACAAACCACTCTGATAAATTCTTATTGTTATTATAATGTCATCTTATAATACTGT  10680
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 10621 AAGGAAAACAAACCACTCTGATAAATTCTTATTGTTATTATAATGTCATCTTATAATACTGT  10680

Qy 10681 TGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTTATGTGTATTTAATTAGCCAG  10740
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 10681 TGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTTATGTGTATTTAATTAGCCAG  10740

Qy 10741 CAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTCACACACATTTAAAAACAAAACACTGTCTC  10800
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 10741 CAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTCACACACATTTAAAAACAAAACACTGTCTC  10800

Qy 10801 TAAAATCCCCAAATTTTTCATAAAC  10825
         |||||||||||||||||||||||||
Db 10801 TAAAATCCCCAAATTTTTCATAAAC  10825
```

RESULT 14
US-08-834-497A-5
; Sequence 5, Application US/08834497A
; Patent No. 6140305
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Thomas, Winston J.
; APPLICANT: Drayna, Dennis T.
; APPLICANT: Feder, John N.
; APPLICANT: Gnirke, Andreas
; APPLICANT: Ruddy, David
; APPLICANT: Tsuchihashi, Zenta
; APPLICANT: Wolff, Roger K.
; TITLE OF INVENTION: HEREDITARY HEMOCHROMATOSIS GENE PRODUCTS
; NUMBER OF SEQUENCES: 76
; CORRESPONDENCE ADDRESS:
;   ADDRESSEE: Pennie & Edmonds LLP
;   STREET: 1155 Avenue of the Americas
;   CITY: New York
;   STATE: New York
;   COUNTRY: USA
;   ZIP: 10036-2811
; COMPUTER READABLE FORM:
;   MEDIUM TYPE: Floppy disk
;   COMPUTER: IBM PC compatible
;   OPERATING SYSTEM: Windows 95
;   SOFTWARE: FastSEQ for Windows Version 2.0b
; CURRENT APPLICATION DATA:
;   APPLICATION NUMBER: US/08/834,497A
;   FILING DATE: 04-APR-1997
;   CLASSIFICATION: 514
; PRIOR APPLICATION DATA:
;   APPLICATION NUMBER: US 08/652,265
;   FILING DATE: 23-MAY-1996
;   CLASSIFICATION: 514
; PRIOR APPLICATION DATA:
;   APPLICATION NUMBER: US 08/632,673
;   FILING DATE: 16-APR-1996
;   CLASSIFICATION: 514
; PRIOR APPLICATION DATA:
;   APPLICATION NUMBER: US 08/630,912
;   FILING DATE: 04-APR-1996
;   CLASSIFICATION: 514
; ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
;   NAME: Poissant, Brian M.
;   REGISTRATION NUMBER: 28,462
;   REFERENCE/DOCKET NUMBER: 8907-0056-999
; TELECOMMUNICATION INFORMATION:
;   TELEPHONE: 650-493-4935
;   TELEFAX: 650-493-5556
;   TELEX: 66141 PENNIE
; INFORMATION FOR SEQ ID NO: 5:
; SEQUENCE CHARACTERISTICS:
;   LENGTH: 10825 base pairs
;   TYPE: nucleic acid
;   STRANDEDNESS: single
;   TOPOLOGY: linear
; MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
; FEATURE:
;   NAME/KEY: CDS
;   LOCATION: join(361..436, 3762..4025, 4235..4510, 5606..5881,
;   LOCATION: 6040..6153, 7107..7147)
;   OTHER INFORMATION: /product= "Hereditary Hemochromatosis
;   OTHER INFORMATION: mutation"
;   OTHER INFORMATION: /note= "Hereditary Hemochromatosis (HH)
;   OTHER INFORMATION: gene 24d2 allele"
; FEATURE:
;   NAME/KEY: -
;   LOCATION: 140..7319
;   OTHER INFORMATION: /note= "start and stop positions for
;   OTHER INFORMATION: 24d2 allele cDNA (SEQ ID NO:11)"

; FEATURE:
;   NAME/KEY: -
;   LOCATION: 3852..3891
;   OTHER INFORMATION: /note= "start and stop positions for
;   OTHER INFORMATION: genomic sequence surrounding variant
;   OTHER INFORMATION: for 24d2(G) allele (SEQ ID NO:42)"
; FEATURE:
;   NAME/KEY: -
;   LOCATION: 5507..6023
;   OTHER INFORMATION: /note= "start and stop positions for
;   OTHER INFORMATION: genomic sequence surrounding variant
;   OTHER INFORMATION: for 24d1(G) allele (SEQ ID NO:20)"
; FEATURE:
;   NAME/KEY: allele
;   LOCATION: replace(3872, "g")
;   OTHER INFORMATION: /phenotype= "Hereditary Hemochromatosis
;   OTHER INFORMATION:
;   OTHER INFORMATION: /label= 24d2

US-08-834-497A-5

Query Match   100.0%;   Score 10821.8;   DB 4;   Length 10825;
Best Local Similarity   100.0%;   Pred. No. 0;
Matches 10823; Conservative   0; Mismatches   0; Indels   2; Gaps   0;

Qy   1 TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTTAAATGTATGATTGAATTTGAAAATCATAAATATTTA 60
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1 TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTTAAATGTATGATTGAATTTGAAAATCATAAATATTTA 60

Qy   61 AATATCTAAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAGCTACTTCCCAATCAACAACACCCCT 120
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   61 AATATCTAAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAGCTACTTCCCAATCAACAACACCCCT 120

Qy   121 TCAGGATTAAAAACCAAGGGGACACTGGATCACCTAGTGTTTCACAAGCAGGTACTT 180
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   121 TCAGGATTAAAAACCAAGGGGACACTGGATCACCTAGTGTTTCACAAGCAGGTACTT 180

Qy   181 CTGCTGTAGGAGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTGCTTTTCACCAGGAGTT 240
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   181 CTGCTGTAGGAGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTGCTTTTCACCAGGAGTT 240

Qy   241 TTACTGGGCATCTCCTGAGCCTAGGCAATAGCTGTAGGGTGACTTCTGGAGCCATCCCCG 300
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   241 TTACTGGGCATCTCCTGAGCCTAGGCAATAGCTGTAGGGTGACTTCTGGAGCCATCCCCG 300

Qy   301 TTTCCCCGCCCCCCAAAAGAAGCGGAGATTTAACGGGGACGTGCGGCCAGAGCTGGGGAA 360
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   301 TTTCCCCGCCCCCCAAAAGAAGCGGAGATTTAACGGGGACGTGCGGCCAGAGCTGGGGAA 360

Qy   361 ATGGGCCCGCGAGCCAGGCCAGGCCGCGCGCTTCTCCTCCTGATGCTTTTGCAGACCGCGGTCCTG 420
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   361 ATGGGCCCGCGAGCCAGGCCAGGCCGCGCGCTTCTCCTCCTGATGCTTTTGCAGACCGCGGTCCTG 420

Qy   421 CAGGGGCGCTTGCTGCGTGAGTCCGAGGGCTCGCGGGCGCGGCGGGGTG 480
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   421 CAGGGGCGCTTGCTGCGTGAGTCCGAGGGCTCGCGGGCGCGGCGGGGTG 480

Qy   481 GAAAAATCGAAACTAGCTTTTCTTTGCGCTTGGGAGTTTGCTAACTTTGCTAACTTTGGAGGACCTGC 540
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   481 GAAAAATCGAAACTAGCTTTTCTTTGCGCTTGGGAGTTTGCTAACTTTGCTAACTTTGGAGGACCTGC 540

Qy   541 TCAACCCTATCCGCAAGCCCCTCTCCCTACTTTCTGCGTCGCCCAGACCCCGTGAGGGAGTGC 600
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   541 TCAACCCTATCCGCAAGCCCCTCTCCCTACTTTCTGCGTCGCCCAGACCCCGTGAGGGAGTGC 600

Qy   601 CTACCACTGAACTGCAGATAGGGGTCCCCGCCGCCCAGGACCTGCCCCTCCCCCCGGCTGT 660
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   601 CTACCACTGAACTGCAGATAGGGGTCCCCGCCGCCCAGGACCTGCCCCTCCCCCCGGCTGT 660

Qy   661 CCCGGCTCTGCGGAGTGACTTTTGGAACCGCCCACTCCCTTCCCCCCAACTAGAATGCTTT 720
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   661 CCCGGCTCTGCGGAGTGACTTTTGGAACCGCCCACTCCCTTCCCCCCAACTAGAATGCTTT 720

```
Qy   721  TAAATAAATCTCGTAGTTCCTCACTTGAGCTGAGCTGGGGCTCTTGAACCTGG  780
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   721  TAAATAAATCTCGTAGTTCCTCACTTGAGCTGAGCTGGGGCTCTTGAACCTGG  780

Qy   781  AACTCGGGTTTATTTCCAAATGTCAGCTGTGCAGTTTTTTCCCCAGTCATCTCCAAACAGG  840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   781  AACTCGGGTTTATTTCCAAATGTCAGCTGTGCAGTTTTTTCCCCAGTCATCTCCAAACAGG  840

Qy   841  AAGTTCTTCCCTGAGTGCTTGCCGAGAGGCTGAGCAAACCCACAGGAGTCCGCACGG  900
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   841  AAGTTCTTCCCTGAGTGCTTGCCGAGAGGCTGAGCAAACCCACAGGAGTCCGCACGG  900

Qy   901  GGTTTCCACCTCAGAACGAATGCGTTGGGCGTGGGGCGCGAAAGAGTGGCGTTGGGGA  960
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   901  GGTTTCCACCTCAGAACGAATGCGTTGGGCGTGGGGCGCGAAAGAGTGGCGTTGGGGA  960

Qy   961  TCTGAATTCTTCACCATTCCACCCACTTTGGTGAGACGTCGGGGTGGAGTGTCTCTAGGGT  1020
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   961  TCTGAATTCTTCACCATTCCACCCACTTTGGTGAGACGTCGGGGTGGAGTGTCTCTAGGGT  1020

Qy  1021  GGGAGGCTCCTGAGAGAGGCCTACCTCGGGCCTTCCCCACTCTTCGGCCAATTGTCTCTTT  1080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1021  GGGAGGCTCCTGAGAGAGGCCTACCTCGGGCCTTCCCCACTCTTCGGCCAATTGTCTCTTT  1080

Qy  1081  GCCTGGAAAATTAAGTATATGTTAGTTTTGAACGTTTGAACTGAACAATTCTCTTTTCGG  1140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1081  GCCTGGAAAATTAAGTATATGTTAGTTTTGAACGTTTGAACTGAACAATTCTCTTTTCGG  1140

Qy  1141  CTAGGCTTTATTGATTTGCAATGCTGCTGTGTAATTAAGAGGCCCTCTCTACAAAGTACTGA  1200
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1141  CTAGGCTTTATTGATTTGCAATGCTGCTGTGTAATTAAGAGGCCCTCTCTACAAAGTACTGA  1200

Qy  1201  TAATGAACATGTAAGCAATGCAACTCACTCAAGTTACATTCATATCTATTTGA  1260
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1201  TAATGAACATGTAAGCAATGCAACTCACTCAAGTTACATTCATATCTATTTGA  1260

Qy  1261  TTTTCACTAGGCATAGGGAGGTAGGAGCTAATAATACGTTTATTTTACTAGAAGTTAACT  1320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1261  TTTTCACTAGGCATAGGGAGGTAGGAGCTAATAATACGTTTATTTTACTAGAAGTTAACT  1320

Qy  1321  GGAATTCAGATTATATAAACTCTTTCAGGTTACAAAGAACATAAAAATCGGTTTTTCTG  1380
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1321  GGAATTCAGATTATATAAACTCTTTCAGGTTACAAAGAACATAAAAATCGGTTTTTCTG  1380

Qy  1381  ATGTTATTTCAAGTACTACAGCGTGCTTCTAAATCTTAGTTGCACAGTGATTTTGCCCTGTAG  1440
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1381  ATGTTATTTCAAGTACTACAGCGTGCTTCTAAATCTTAGTTGCACAGTGATTTTGCCCTGTAG  1440

Qy  1441  TGTAGCACAGTGTTCTGTGGGTCACACGCCCGCCTCAGCACAGCCACTTTGAGTTTTGGTA  1500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1441  TGTAGCACAGTGTTCTGTGGGTCACACGCCCGCCTCAGCACAGCCACTTTGAGTTTTGGTA  1500

Qy  1501  CTACGTGTATCCACATTTTACACATGGTACACTGGGCTTTGGTGGCACGGCCACTGGCCTCCTGG  1560
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1501  CTACGTGTATCCACATTTTACACATGGTACACTGGGCTTTGGTGGCACGGCCACTGGCCTCCTGG  1560

Qy  1561  CAAATTTATTCAAGTACACTGGGCTTTGGTGGCAGAGCTCATGTCTCCACTTCATAGC  1620
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1561  CAAATTTATTCAAGTACACTGGGCTTTGGTGGCAGAGCTCATGTCTCCACTTCATAGC  1620

Qy  1621  TATGATTCTTAAACATCAACACTGCATTAGAGTTGAATAATAAAATTCATGTTGAGCAG  1680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1621  TATGATTCTTAAACATCAACACTGCATTAGAGTTGAATAATAAAATTCATGTTGAGCAG  1680

Qy  1681  AAATATTCATTGTTTACACGTTGTAAATGAGTGCCGCCATCGTTCACGTGTTCAAGCCC  1740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1681  AAATATTCATTGTTTACACGTTGTAAATGAGTGCCGCCATCGTTCACGTGTTCAAGCCC  1740

Qy  1741  CAAGGGAGAGCAGGGAAACAAGTCTTTACCCTTTGATATTTTGCATTCTAGTGGGAGA  1800
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1741  CAAGGGAGAGCAGGGAAACAAGTCTTTACCCTTTGATATTTTGCATTCTAGTGGGAGA  1800

Qy  1801  GATGCACAATAAGCAAATGAGCAGAAAGATATACAACATCAGGAATCATGGGTGTTGTGA  1860
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1801  GATGCACAATAAGCAAATGAGCAGAAAGATATACAACATCAGGAATCATGGGTGTTGTGA  1860

Qy  1861  GAAGCAGAGAGTCAGGCAAGTCACTCTGGGCTCGACACTTGAGCAGAGACATGAAGGA  1920
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1861  GAAGCAGAGAGTCAGGCAAGTCACTCTGGGCTCGACACTTGAGCAGAGACATGAAGGA  1920

Qy  1921  AATAAGAATGATATTGACTGGGAGCAGTATTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCCTGGCCAAG  1980
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1921  AATAAGAATGATATTGACTGGGAGCAGTATTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCCTGGCCAAG  1980

Qy  1981  TTGGATTAAAAAGCGGGTTTTCTCAGCACTACTACATGTGTGTGTGTGTGGGGGGG  2040
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1981  TTGGATTAAAAAGCGGGTTTTCTCAGCACTACTACATGTGTGTGTGTGGGGGGG  2040

Qy  2041  CGGCGTGGGGTGGGAAGGGGACTACCATCTGCATGTAGGATGTCTAGCAGTATCCTGT  2100
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2041  CGGCGTGGGGTGGGAAGGGGACTACCATCTGCATGTAGGATGTCTAGCAGTATCCTGT  2100

Qy  2101  CCTCCCTACTCACTAGGTGTGTAGGAGCACTCCCCCAGTCTTGACAACCAAAAATGTCTCT  2160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2101  CCTCCCTACTCACTAGGTGTGTAGGAGCACTCCCCCAGTCTTGACAACCAAAAATGTCTCT  2160

Qy  2161  AAACTTTGCCACATGCCACCTAGTAGACAAACTCCTGGTTAAGGAGCTCGGGGTTGAAAAA  2220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2161  AAACTTTGCCACATGCCACCTAGTAGACAAACTCCTGGTTAAGGAGCTCGGGGTTGAAAAA  2220

Qy  2221  AATAAACAAGTAGTGCTGGGAGTAGAGGCCAAGAAGTAGGTAATGGGCTCGAGAGAGGA  2280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2221  AATAAACAAGTAGTGCTGGGAGTAGAGGCCAAGAAGTAGGTAATGGGCTCGAGAGAGGA  2280

Qy  2281  GCCACAAAACAAGGTTGTGCAGGCGCGCTGAGGCTGGTGGTGTGAATTCTAGCCAAGGAGTA  2340
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2281  GCCACAAAACAAGGTTGTGCAGGCGCGCTGAGGCTGGTGGTGTGAATTCTAGCCAAGGAGTA  2340

Qy  2341  ACAGTGATCTGTCACAGCGTTTTAAAAGATTGCTCTGGCTGCTATGTGCTAAGAAAGCAGAATG  2400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2341  ACAGTGATCTGTCACAGCGTTTTAAAAGATTGCTCTGGCTGCTATGTGCTAAGAAAGCAGAATG  2400

Qy  2401  AAGGGAGCAACAGTAAAAGCAGGAGCCCAGCCAGGAGCCCAGGAGAGCAGAGTTCCTCAGGCAAG  2460
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2401  AAGGGAGCAACAGTAAAAGCAGGAGCCCAGCCAGGAGCCCAGGAGAGCAGAGTTCCTCAGGCAAG  2460

Qy  2461  AGGTAGTGGAGTGGGCTGGGTGGGTGGGAACAGAAAAAGGGAGTGACAAACCATTGTCCTCTGAA  2520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2461  AGGTAGTGGAGTGGGCTGGGTGGGTGGGAACAGAAAAAGGGAGTGACAAACCATTGTCCTCTGAA  2520

Qy  2521  TATATTCTGAAGGAGTTGCTGAAGGATTCTGAGTGTGTGAGGAAAGAAAGAAGAATTGG  2580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2521  TATATTCTGAAGGAGTTGCTGAAGGATTCTGAGTGTGTGAGGAAAGAAAGAAGAATTGG  2580

Qy  2581  CTGGGTGTAGTGAGCTCATGCCAAGGAGGCCAAGAGCCAAGGGAGGAGCCAGATTCCTGAGCTCAGGA  2640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2581  CTGGGTGTAGTGAGCTCATGCCAAGGAGGCCAAGAGCCAAGGGAGGAGCCAGATTCCTGAGCTCAGGA  2640

Qy  2641  GTTCAAGACCACCAGCCTGGGCAACAGCTGGGAACACAGCCAAAAACCCCTTCTCTACAAAATTA  2700
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2641  GTTCAAGACCACCAGCCTGGGCAACAGCTGGGAACACAGCCAAAAACCCCTTCTCTACAAAATTA  2700

Qy  2701  GCTGGGTGTGGTGGCATGCACCTGTAGTCCCTAGCTACTCGGGAGGCTGAGGTGGGGTA  2760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2701  GCTGGGTGTGGTGGCATGCACCTGTAGTCCCTAGCTACTCGGGAGGCTGAGGTGGGGTA  2760

Qy  2761  TTGCTTGAGCCCAGGAAGTTGAGGCTGCAGTGAGCCACTGCTGCCACTGTACTTCAGC  2820
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2761  TTGCTTGAGCCCAGGAAGTTGAGGCTGCAGTGAGCCACTGCTGCCACTGTACTTCAGC  2820

Qy  2821  CTAGGTGACAGAGCGAAGACACCCGTCTCCCCGACCCCCTGAAAAAGAGAAGAGTTAAAGT  2880
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2821  CTAGGTGACAGAGCGAAGACACCCGTCTCCCCGACCCCCTGAAAAAGAGAAGAGTTAAACT  2880

Qy  2881  TGACTTTGTTCTTTATTTAATTTTATTGGCCTGACGCAGTGGGGTAATTGGCAATGCCAT  2940
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Qy  4021 CAAGGGTATGTGGAGAGGGGCCTCACCTTCCTGAGTTGTGTCGAGAGCTTTTCATCTTTTC 4080
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4021 CAAGGGTATGTGGAGAGGGGCCTCACCTTCCTGAGTTGTGTCGAGAGCTTTTCATCTTTTC 4080

Qy  4081 ATCGCATCTTGAAGGAAACAGCTGGAAGCTGGAAGCTCTGTGGGAGCAGGAGCAGGAGGAAG 4140
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4081 ATCGCATCTTGAAGGAAACAGCTGGAAGCTGGAAGCTCTGTGGGAGCAGGAGCAGGAGGAAG 4140

Qy  4141 GAATTGCTTCCTCTGAGATCATTTGGTCCTTGGGATGGTGAAATAGGGACCTATTCCTT 4200
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4141 GAATTTGCTTCCTCTGAGATCATTTGGTCCTTGGGATGGTGAAATAGGGACCTATTCCTT 4200

Qy  4201 TGGTTGCAGTTAACAAGGCTGGGATTTTTCCAGAGTCCCACACCCTGCACCCTG 4260
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4201 TGGTTGCAGTTAACAAGGCTGGGATTTTTCCAGAGTCCCACACCCTGCACCCTG 4260

Qy  4261 GGCTGTCGAAATGCAAGAAGACAACAGTACCGAGGGCTACTGGAAGTACGGGTATGATGGG 4320
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4261 GGCTGTGAAATGCAAGAAGACAACAGTACCGAGGGCTACTGGAAGTACGGGTATGATGGG 4320

Qy  4321 CAGGACCACCTTGAATTCTGCCCTGACACACTGGATTGGAGAGCAGCAGAACCCAGGGCC 4380
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4321 CAGGACCACCTTGAATTCTGCCCTGACACACTGGATTGGAGAGCAGCAGAACCCAGGGCC 4380

Qy  4381 TGGCCCCAAGCTGGAGTGGGAAAGGCACAAGCTGCGAGCTGCGCTGCAGCAGAGGGGCCTAC 4440
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4381 TGGCCCCAAGCTGGAGTGGGAAAGGCACAAGCTGCGAGCTGCGCTGCAGCAGAGGGGCCTAC 4440

Qy  4441 CTGGAGAGGGACTGCCCTGCCAGCTGGAGTGGCAGAGTGGCAGAGTGGAGAGTGTTTTG 4500
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4441 CTGGAGAGGGACTGCCCTGCCAGCTGGAGTGGCAGAGTGGCAGAGTGGAGAGTGTTTTG 4500

Qy  4501 GACCAACAAGGTATGGTGGTGGAAACACACTTCTGCCCCTATACTCTGGCAGAGTGGAGG 4560
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4501 GACCAACAAGGTATGGTGGTGGAAACACACTTCTGCCCCTATACTCTGGCAGAGTGGAGG 4560

Qy  4561 AGGTTGCAGGGCACGGAATCCCGGTTGGTTCAGAGTGGCTGAGGCTGTGTGCCCTC 4620
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4561 AGGTTGCAGGGCACGGAATCCCGGTTGGTTCAGAGTGGCTGAGGCTGTGTGCCCTC 4620

Qy  4621 TCCAAATTCTGGGAAGGCAGTTCTCACCTTATAATTCAGAGATCTA 4680
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4621 TCCAAATTCTGGGAAGGCAGTTCTCAATCCTAGAGTCTTATAATTTGAGAGTA 4680

Qy  4681 TGAGACAGCCACAAGTCATGGGTTTAATTTCTTTCTCCATGCATATGGCTCAAAGGGAA 4740
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4681 TGAGACAGCCACAAGTCATGGGTTTAATTTCTTTCTCCATGCATATGGCTCAAAGGGAA 4740

Qy  4741 GTGTCTATGGCCCTTGCTTTTTATTTAACCAATAATCTTTGTATATTAATTATACCTGTTAA 4800
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4741 GTGTCTATGGCCCTTGCTTTTTATTTAACCAATAATCTTTGTATATTAATTATACCTGTTAA 4800

Qy  4801 AAATTCAGAAGTCAAGGCAGCATCGCTTGCTACCCCCGTGAATCCCAGCACTTTGGG 4860
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4801 AAATTCAGAAGTCAAGGCAGCATCGCTTGCTACCCCCGTGAATCCCAGCACTTTGGG 4860

Qy  4861 AGGCCGAGGCGGGTGGTCACAAGTGGTCACAAGGTTGAGACCTGACCAACATGGTGAA 4920
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4861 AGGCCGAGGCGGGTGGTCACAAGTGGTCACAAGGTTGAGACCTGACCAACATGGTGAA 4920

Qy  4921 ACCCGTCTCTAAAAAATACAAAAATTAGCTGGTCAAGTCATGCGCACCTGTAGTCCCA 4980
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4921 ACCCGTCTCTAAAAAATACAAAAATTAGCTGGTCAAGTCATGCGCACCTGTAGTCCCA 4980

Qy  4981 GCTAATTGGAGGCTGAGGCAGGAGCAATCGCTTGAACCTGGGAAGGCGGAAGTGCACTGA 5040
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4981 GCTAATTGGAGGCTGAGGCAGGAGCAATCGCTTGAACCTGGGAAGGCGGAAGTGCACTGA 5040

Qy  5041 GCCAAGATCGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGCAGCAGAGCGAGACTCCATCTTAAAAAA 5100
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5041 GCCAAGATCGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGCAGCAGAGCGAGACTCCATCTTAAAAAA 5100


Db  2881 TGACTTTGTTCTTTATTTATTTATTGGCCTGAGCAGTGGGTAATTGGCAATGCCAT 2940

Qy  2941 TTCTGAGATGGTGAAGGCAGGAGGAAAGAGCAGTTGGGTAAATCAAGGATCTGCATTTG 3000
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2941 TTCTGAGATGGTGAAGGCAGGAGGAAAGAGCAGTTGGGTAAATCAAGGATCTGCATTTG 3000

Qy  3001 GGACATGTTAAGTTTGAGATTCCAGTCAAGCTCGAGGCCACATAGGCCAGTT 3060
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3001 GGACATGTTAAGTTTGAGATTCCAGTCAAGCTCGAGGCCACATAGGCCAGTT 3060

Qy  3061 CAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGCCACGGTGGCTCACTTCTGTAATCCCAGCACT 3120
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3061 CAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGCCACGGTGGCTCACTTCTGTAATCCCAGCACT 3120

Qy  3121 TTGGGTGGCTGAGGCAGGTAGATCATTTGAGGTCAGGAGTTTGAGACAGCTTGGCCAACA 3180
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3121 TTGGGTGGCTGAGGCAGGTAGATCATTTGAGGTCAGGAGTTTGAGACAGCTTGGCCAACA 3180

Qy  3181 TGGTGAAACCCCATGTCTACTAAAAATACAAAAATTAGCCTGTGTGTGGTGGCGCGCCT 3240
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3181 TGGTGAAACCCCATGTCTACTAAAAATACAAAAATTAGCCTGTGTGTGGTGGCGCGCCT 3240

Qy  3241 ATAGTCCCAGGTTTTCAGGAGGCTTAGGTAGGAGGAATCCCTTGAACCCAGGAGGTGCAGG 3300
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3241 ATAGTCCCAGGTTTTCAGGAGGCTTAGGTAGGAGGAATCCCTTGAACCCAGGAGGTGCAGG 3300

Qy  3301 TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGATAGAGTGAGACTCTGT 3360
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3301 TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGATAGAGTGAGACTCTGT 3360

Qy  3361 CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATTTGGG 3420
         ||||||||||||          |||||||||||||||||||||||||||
Db  3361 CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCCAGGATTTTGGG 3420

Qy  3421 TCTAATTTGCCCTGAGCCACCAACTCCTGAGTTCAACTACCATGGCTAGACACCTTAAC 3480
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3421 TCTAATTTGCCCTGAGCCACCAACTCCTGAGTTCAACTACCATGGCTAGACACCTTAAC 3480

Qy  3481 ATTTTCTAGAATCCACCACAGTTTAGTGGAGTCTGTCTAATCATGAGTATTGGAATAGGAT 3540
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3481 ATTTTCTAGAATCCACCACAGTTTAGTGGAGTCTGTCTAATCATGAGTATTGGAATAGGAT 3540

Qy  3541 CTGGGGCAGTGAGGGGTGGCCACGGTGGCCACGGTGGCTCTGCTGGCAGAGAAAAGCACACAAGGAAAGAGC 3600
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3541 CTGGGGCAGTGAGGGGTGGCCACGGTGGCCACGGTGGCTCTGCTGGCAGAGAAAAGCACACAAGGAAAGAGC 3600

Qy  3601 ACCCAGGACTGCATATGGAAGAAGAACAGGAGCAACTGCAACTCCACCCTTCACAAAAATGAGGA 3660
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3601 ACCCAGGACTGCATATGGAAGAAGAACAGGAGCAACTGCAACTCCACCCTTCACAAAAATGAGGA 3660

Qy  3661 CCAGACACAGCTGTTCCGTGTCGTGTGCTCTGGAGCTGTGTCTCGTGTTGATGCGAGTTGATGGGCTCTCCC 3720
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3661 CCAGACACAGCTGTTCCGTGTCGTGTGCTCTGGAGCTGTGTCTCGTGTTGATGCGAGTTGATGGGCTCTCCC 3720

Qy  3721 CTCCTACTACACATGGTTAAGGCCTTCCCAGGTTCACACTCTCTGCACTA 3780
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3721 CTCCTACTACACATGGTTAAGGCCTTCCCAGGTTCACACTCTCTGCACTA 3780

Qy  3781 CCTCTTCATGGGGTGCCTCAGAGCCTTGGTCTTTGGGTTTGAAGCTTTGGGCTA 3840
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3781 CCTCTTCATGGGGTGCCTCAGAGCCTTGGTCTTTGGGTTTGAAGCTTTGGGCTA 3840

Qy  3841 CGTGGATGACCAGCTGTTCCGTGTTCGTGTCTTCTCTATGATCATGAGTCGCCGTGTGGAGCCCCGAAC 3900
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3841 CGTGGATGACCAGCTGTTCCGTGTTCGTGTCTTCTCTATGATCATGAGTCGCCGTGTGGAGCCCCGAAC 3900

Qy  3901 TCCATGGGGTTTCCAGTAGAATTCAAGCCACCAGATGGGCTGGCTGCAGTGAGTCAGATGTGCTGA 3960
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3901 TCCATGGGGTTTCCAGTAGAATTCAAGCCACCAGATGGGCTGGCTGCAGTGAGTCAGATGTGCTGA 3960

Qy  3961 AGGGTGGGAATCACATGTTCTGACTTGTTGACTATTATGGAAAAATCACACCACAG 4020
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3961 AGGGTGGGAATCACATGTTCTGACTTGTTGACTATTATGGAAAAATCACACCACAG 4020
```

```
Qy  5101 AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAGAATTCAGAGATCTCAGCTATCATATGAATACCAGGACAAA 5160
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5101 AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAGAATTCAGAGATCTCAGCTATCATATGAATACCAGGACAAA 5160

Qy  5161 ATATCAAGTGAGGCCACTTATCAGTAGAAGAATCCTTAGGTTAAAAGTTTCTTTCAT 5220
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5161 ATATCAAGTGAGGCCACTTATCAGTAGAAGAATCCTTAGGTTAAAAGTTTCTTTCAT 5220

Qy  5221 AGAACATAGCAATAATCACTGAGCTACCTATCTTACAAGTCCGCTTCTTATAACATGC 5280
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5221 AGAACATAGCAATAATCACTGAGCTACCTATCTTACAAGTCCGCTTCTTATAACATGC 5280

Qy  5281 CTCCTAGGTTGACCCAGGTGAAACTGAAACTCAGCTATCGATTCAATCATTTCAATGCACATAA 5340
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5281 CTCCTAGGTTGACCCAGGTGAAACTGAAACTCAGCTATCGATTCAATCATTTCAATGCACATAA 5340

Qy  5341 AGGGCAATTTTATCTATCAGAACAAAGAACACATGGTAACACATGTATATTACATGTG 5400
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5341 AGGGCAATTTTATCTATCAGAACAAAGAACACATGGTAACACATGTATATTACATGTG 5400

Qy  5401 AGGAGAACAAGCTGATCTGACTGCTCTCCAAGTGTGTTGAGACTGGTTAGTCCAATCTTAGG 5460
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5401 AGGAGAACAAGCTGATCTGACTGCTCTCCAAGTGTGTTGAGACTGGTTAGTCCAATCTTAGG 5460

Qy  5461 ACACAAAATGGTGTCTCTCTGTAGCTTGTTTTTCTGAAAAGGGTATTCCTTCCTCC 5520
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5461 ACACAAAATGGTGTCTCTCTGTAGCTTGTTTTTCTGAAAAGGGTATTCCTTCCTCC 5520

Qy  5521 AACCTATAGAAGGAAGTGAAAGTTCCAGTCTCGCAAGGGTAAACAGATCCCCTCTC 5580
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5521 AACCTATAGAAGGAAGTGAAAGTTCCAGTCTCGCAAGGGTAAACAGATCCCCTCTC 5580

Qy  5581 CTCATCCTTCCTCCTTTCCTGTCAAGTGCCTCCTTTGGTGAAGGTGACACATGTGACC 5640
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5581 CTCATCCTTCCTCCTTTCCTGTCAAGTGCCTCCTTTGGTGAAGGTGACACATGTGACC 5640

Qy  5641 TCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGGGCCTTGAACTACTACCCCCAGAACATCACCATG 5700
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5641 TCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGGGCCTTGAACTACTACCCCCAGAACATCACCATG 5700

Qy  5701 AAGTGGCTGAAGGATAAGCAGCCAATGGATGCTGAGGAGTTCAAGGAGTTCGAACCTCAAAGAGCGTATTG 5760
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5701 AAGTGGCTGAAGGATAAGCAGCCAATGGATGCTGAGGAGTTCAAGGAGTTCGAACCTCAAAGAGCGTATTG 5760

Qy  5761 CCCAATGGGGATGGGACCTACCAGGGCTGGATAAACCTGGCTGTACCCCCTCGGGGAAGAG 5820
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5761 CCCAATGGGGATGGGACCTACCAGGGCTGGATAAACCTGGCTGTACCCCCTCGGGGAAGAG 5820

Qy  5821 CAGAGATATACGTGCCAGGTGAGCACCCAGGCACCCCTCATTGTGATCTGG 5880
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5821 CAGAGATATACGTGCCAGGTGAGCACCCAGGCACCCCTCATTGTGATCTGG 5880

Qy  5881 GGTATGTGACTGATGAGCTCCAGGAGGTTGAGAGGAGTGCC 5940
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5881 GGTATGTGACTGATGAGCTCCAGGAGGTTGAGAGGAGTGCC 5940

Qy  5941 TGAGGAGGTAATTATGGCCAGTGAGATGAGGATGGGGGTTGGGGGGTGGGCTGAGG 6000
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5941 TGAGGAGGTAATTATGGCCAGTGAGATGAGGATGGGGGTTGGGGGGTGGGCTGAGG 6000

Qy  6001 GTGGCAATCAAAGGCTTTAACTTGCTTTCTGTTTTAGAGCCCTGGCCACCC 6060
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6001 GTGGCAATCAAAGGCTTTAACTTGCTTTCTGTTTTAGAGCCCTGGCCACCC 6060

Qy  6061 TAGTCATTGGAGTCATCAGTGAGTTCGTGTCATCTGTCATTGGAATTT 6120
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6061 TAGTCATTGGAGTCATCAGTGAGTTCGTGTCATCTGTCATTGGAATTT 6120

Qy  6121 TGTTCATATATTAAGGAGGAGCAGGTTCAAGTGAGTAGGACAAGGGGAAGTCTCT 6180
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6121 TGTTCATATATTAAGGAGGAGCAGGTTCAAGTGAGTAGGACAAGGGGAAGTCTCT 6180

Qy  6181 TAGTACCTCTGCCCCAGGCACAGTGGGAAGAGGGGATCTGGCATCCATGGG 6240
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6181 TAGTACCTCTGCCCCAGGCACAGTGGGAAGAGGGGATCTGGCATCCATGGG 6240

Qy  6241 AAGCCATTTTTCTTCATTTATATTCTTTGGGACCAGCAGCCAGCAGCTCCCTGGGACAGAGAAAT 6300
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6241 AAGCCATTTTTCTTCATTTATATTCTTTGGGACCAGCAGCCAGCAGCTCCCTGGGACAGAGAAAT 6300

Qy  6301 AATGGTTCTCCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCAACAAACATCTTCAGAGCACCTACTAT 6360
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6301 AATGGTTCTCCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCAACAAACATCTTCAGAGCACCTACTAT 6360

Qy  6361 TTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTAGTAGTACAGGGGCTTTGAGGTTGAGAGTCACTGTGGCTAT 6420
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6361 TTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTAGTAGTACAGGGGCTTTGAGGTTGAGAGTCACTGTGGCTAT 6420

Qy  6421 TCTCAGAACCCAAATCTGGTAGGGAATGAAATTGATAGCAAGTAAATGTAGTTAAAGAAG 6480
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6421 TCTCAGAACCCAAATCTGGTAGGGAATGAAATTGATAGCAAGTAAATGTAGTTAAAGAAG 6480

Qy  6481 ACCCCATGAGGTCCTAAAGCAGGCAGGAAGCAAATGCTTAGGTGTCAAAGGAAAGAATG 6540
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6481 ACCCCATGAGGTCCTAAAGCAGGCAGGAAGCAAATGCTTAGGTGTCAAAGGAAAGAATG 6540

Qy  6541 ATCACATTCAGCTGGGGATCAAGATAGCCTTCTGGATCTTGAAGACGGAGCAACCATGCCAAGTAGGA 6600
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6541 ATCACATTCAGCTGGGGATCAAGATAGCCTTCTGGATCTTGAAGACGGAGCAACCATGCCAAGTAGGA 6600

Qy  6601 TTAGGTGGAGGTTGAAGATGATGGGAGGTCTCACACAGAGTGTACCTTAACCCTGAGTTTGCGT 6660
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6601 TTAGGTGGAGGTTGAAGATGATGGGAGGTCTCACACAGAGTGTACCTTAACCCTGAGTTTGCGT 6660

Qy  6661 GAGTATAAGGCATACTGGGAGATTAGAAATAATTATTGTACCCCTGAACATCTGTGTGTAGGGAAAAGA 6720
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6661 GAGTATAAGGCATACTGGGAGATTAGAAATAATTATTGTACCCCTGAACATCTGTGTGTAGGGAAAAGA 6720

Qy  6721 AGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCTACCCCCTGAACATCTGTGTGTAGGGAAAAGA 6780
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6721 AGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCTACCCCCTGAACATCTGTGTGTAGGGAAAAGA 6780

Qy  6781 GAATCAGAAAGAAGCCAGCTCATACAGAGTCCAAGGGTCTCTTTGGGATATTCGGGTTATGA 6840
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6781 GAATCAGAAAGAAGCCAGCTCATACAGAGTCCAAGGGTCTCTTTGGGATATTCGGGTTATGA 6840

Qy  6841 TCACTGGGTGTCATTGAAGGATCCTTGAAGATCCTGGGAGAAGGAGAGGAGGACCACGATCTCCCTTATATGGTG 6900
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6841 TCACTGGGTGTCATTGAAGGATCCTTGAAGATCCTGGGAGAAGGAGAGGAGGACCACGATCTCCCTTATATGGTG 6900

Qy  6901 AATGTGTTGTTAAGGAAGTTAGATGAGAGGTGAGGAGAGGACCAGTTAGAAAGCCAATAAGCAT 6960
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6901 AATGTGTTGTTAAGGAAGTTAGATGAGAGGTGAGGAGAGGACCAGTTAGAAAGCCAATAAGCAT 6960

Qy  6961 TTTCCAGATGAGAGATAATGGTTCTTGAAATCCAATAGTGCCCAGGTCTAAATTGAGATGG 7020
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6961 TTTCCAGATGAGAGATAATGGTTCTTGAAATCCAATAGTGCCCAGGTCTAAATTGAGATGG 7020

Qy  7021 GTGAATGAGGAAAATAAGGAAGAGAGAGGCAAGATGGTGCCTAGGTTTGTGATGCCT 7080
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7021 GTGAATGAGGAAAATAAGGAAGAGAGAGGCAAGATGGTGCCTAGGTTTGTGATGCCT 7080

Qy  7081 CTTTCCTGGGTCTCTTGTCTCCACAGGAGGAGCCCATGGGACCACTACGTCTTCAGTCTGAACG 7140
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7081 CTTTCCTGGGTCTCTTGTCTCCACAGGAGGAGCCCATGGGACCACTACGTCTTCAGTCTGAACG 7140

Qy  7141 TGAGTCATTGGAGTCACGCCAGCCTGCAGCTCCTCACTGTTTCATTGGAATTT 7200
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7141 TGAGTCATTGGAGTCACGCCAGCCTGCAGCTCCTCACTGTTTCATTGGAATTT 7200

Qy  7201 GGGAGTGCATTATGAGCTCTTCATGTTTCAGGAGGAGTTGAACCTAAACATAGAAATT 7260
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7201 GGGAGTGCATTATGAGCTCTTCATGTTTCAGGAGGAGTTGAACCTAAACATAGAAATT 7260

Qy  7261 GCCTGACGAACTTCCTTGATTTTAGCCTTCTGTTCATTTCCTCAAAAAGATTTCCCAT 7320
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db  7261 GCCTGACGAACTCCTGATTTTAGCCTTCTCTGTGTTCCTCAAAAAGATTCCCCAT 7320      Qy  8401 CTCCATCTCAAAAAATAAAAATAAAAATAAAAATAAAAATGAAAAAAAAGTGAAGTA 8460
                                                                                      ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
                                                                          Db  8401 CTCCATCTCAAAAAATAAAAATAAAAATAAAAATAAAAATGAAAAAAAAGAAAGTGAAGTA 8460

Qy  7321 TTAGGTTTCTGAGTTCCTGCGATGCCGGTGATCCCTAGCTGTGACCTCTCCCCTGGAACTG 7380      Qy  8461 TAGAGTATCTCATAGTTGTCAGTGATAGAGAAACAGGTTTCAAACTCAGTCAATCTGACCG 8520
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7321 TTAGGTTTCTGAGTTCCTGCGATGCCGGTGATCCCTAGCTGTGACCTCTCCCCTGGAACTG 7380      Db  8461 TAGAGTATCTCATAGTTGTCAGTGATAGAGAAACAGGTTTCAAACTCAGTCAATCTGACCG 8520

Qy  7381 TCTCTCATGAACCTCAAGCTGCATCTAGAGGCTTCCTTCATTTTCCGTCCGTCACCTCAGAG 7440      Qy  8521 TTTGATACATCTCAGACACCACTACATTCAGTAGTTTAGATGCCTAGAATAAATAGAGAA 8580
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7381 TCTCTCATGAACCTCAAGCTGCATCTAGAGGCTTCCTTCATTTTCCGTCCGTCACCTCAGAG 7440      Db  8521 TTTGATACATCTCAGACACCACTACATTCAGTAGTTTAGATGCCTAGAATAAATAGAGAA 8580

Qy  7441 ACATACACCTATGTCATTTCATTTCATTTCCTATTTTGGAAGAGGACTCCTTAAATTTGGGGGA 7500      Qy  8581 GGAAGGAGATGGCTCTTCCTGTCTCCATTGTTTCTCTGAGTGAGCTTGAATCACAT 8640
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7441 ACATACACCTATGTCATTTCATTTCATTTCCTATTTTGGAAGAGGACTCCTTAAATTTGGGGGA 7500      Db  8581 GGAAGGAGATGGCTCTTCCTGTCTCCATTGTTTCTCTGAGTGAGCTTGAATCACAT 8640

Qy  7501 CTTACATGATTCATTTAACATCTGAGAAAAGCTTGAACCCGTCAACTTTTCCT 7560      Qy  8641 GAAGGGAACAGCAGAAAACAACCAACTGATCCTCAGCTGTCATCTGTGTTCCTTTAAAAGTC 8700
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||                  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7501 CTTACATGATTCATTTAACATCTGAGAAAAGCTTGAACCCGTCAACTTTTCCT 7560      Db  8641 GAAGGGAACAGCAGAAAACAACCAACTGATCCTCAGCTGTCATCTGTGTTCCTTTAAAAGTC 8700

Qy  7561 AACCTTACCACAGATTTTTACACATGTATCTATGCATTTCTGGACCCGTTCAACTTTTCCT 7620      Qy  8701 CCTGAAGGAAGTGACTCCCTTGCTCTCGTGTTGCTCTCTTTGGCATTCA 8760
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||                  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7561 AACCTTACCACAGATTTTTACACATGTATCTATGCATTTCTGGACCCGTTCAACTTTTCCT 7620      Db  8701 CCTGAAGGAAGTGACTCCCTTGCTCTCGTGTTGCTCTCTTTGGCATTCA 8760

Qy  7621 TTGAATCCTCTCTGTGTTACCCAGTAACTCATCTGTCATCTGTCACCAAGCCTTGGGGATTCTTC 7680      Qy  8761 TTTCTTTGGACCCTACGCAAGGACTGTAATTGGTGGGGACAGCTAGTTGGCCCCTGCTGGGC 8820
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7621 TTGAATCCTCTCTGTGTTACCCAGTAACTCATCTGTCATCTGTCACCAAGCCTTGGGGATTCTTC 7680      Db  8761 TTTCTTTGGACCCTACGCAAGGACTGTAATTGGTGGGGACAGCTAGTTGGCCCCTGCTGGGC 8820

Qy  7681 CATCTGATTGTGATGTGAGTTGCACAGCTATGAAGGCGTATGACAATGGAAGAG 7740      Qy  8821 TTCACACACGGTGTCCTCCCTAGGCCAGTGCCTCTGGAGTCAGAACTCTGGTGGTATTTC 8880
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7681 CATCTGATTGTGATGTGAGTTGCACAGCTATGAAGGCGTATGACAATGGAAGAG 7740      Db  8821 TTCACACACGGTGTCCTCCCTAGGCCAGTGCCTCTGGAGTCAGAACTCTGGTGGTATTTC 8880

Qy  7741 GCAACCTGTCCCAGAAAAAGCATCATGGCTATCTGTGGGTAGTAATGATGGGTGTTTTTAGC 7800      Qy  8881 CCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCCATTTGAGATGGTATAATGGAAGCCACCAAGTG 8940
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||                  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7741 GCAACCTGTCCCAGAAAAAGCATCATGGCTATCTGTGGGTAGTAATGATGGGTGTTTTTAGC 7800      Db  8881 CCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCCATTTGAGATGGTATAATGGAAGCCACCAAGTG 8940

Qy  7801 AGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGGTGTGTGAAGTGTTTTTCTAATTGGCATGA 7860      Qy  8941 GCTTAGAGGATGCCCAGGTCCTTCCATGGAGCCACTGGGGTTCCGGTGCACATTAAAAAA 9000
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7801 AGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGGTGTGTGAAGTGTTTTTCTAATTGGCATGA 7860      Db  8941 GCTTAGAGGATGCCCAGGTCCTTCCATGGAGCCACTGGGGTTCCGGTGCACATTAAAAAA 9000

Qy  7861 AGGTCTCATACAGATTGCAAAGTTTAATGCTGCTTCATTGGGATGCTACTCTAGTAT 7920      Qy  9001 AAAATCTAACCAGGACATTCAGGAGAATTGCTAGATTCTGGGAAATCAGTCACCATGTTCA 9060
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7861 AGGTCTCATACAGATTGCAAAGTTTAATGCTGCTTCATTGGGATGCTACTCTAGTAT 7920      Db  9001 AAAATCTAACCAGGACATTCAGGAGAATTGCTAGATTCTGGGAAATCAGTCACCATGTTCA 9060

Qy  7921 TCCAGACCTGAAGAATCACAATAATTTTCTACCTGGTCTCTCCTTGTTCTGTGTCGATAATGAAA 7980      Qy  9061 AAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTTGAGACTCTCCTCCCAGGTTCAAGGCATGGCATGAT 9120
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7921 TCCAGACCTGAAGAATCACAATAATTTTCTACCTGGTCTCTCCTTGTTCTGTGTCGATAATGAAA 7980      Db  9061 AAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTTGAGACTCTCCTCCCAGGTTCAAGGCATGGCATGAT 9120

Qy  7981 ATTATGATAAGGATGATAAAAAGCACTTACTTCTACACAATAATTCTATGAGATAGTACTATTATCCCCAT 8040      Qy  9121 CTCGGCTCACTGTAACCTCTGCCTCCCAGGTTCAAGGCGATTCTCCTGTCTCAGCCTCCCA 9180
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7981 ATTATGATAAGGATGATAAAAAGCACTTACTTCTACACAATAATTCTATGAGATAGTACTATTATCCCCAT 8040      Db  9121 CTCGGCTCACTGTAACCTCTGCCTCCCAGGTTCAAGGCGATTCTCCTGTCTCAGCCTCCCA 9180

Qy  8101 TTCTTTTTTAAATGAAGAGGCCAAAGCGGTTGGGAGGCCAAGGTCAGGATCACGAGGATCAGGACCATGTAATCCC 8160      Qy  9181 AGTAGCTGGATTACAGGCGTGAGCCACCATGCCCGGCTAATTTTTGTATTTTTAGTAGA 9240
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8101 TTCTTTTTTAAATGAAGAGGCCAAAGCGGTTGGGAGGCCAAGGTCAGGATCACGAGGATCAGGACCATGTAATCCC 8160      Db  9181 AGTAGCTGGATTACAGGCGTGAGCCACCATGCCCGGCTAATTTTTGTATTTTTAGTAGA 9240

Qy  8161 AGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGTTGGGAGGCCAAAGCGGTTGGGATCACGAGGATCAGGACCATCCTGGC 8220      Qy  9241 GACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAAATCAGTTCACCATGTTCA 9300
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||                  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8161 AGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGTTGGGAGGCCAAAGCGGTTGGGATCACGAGGATCAGGACCATCCTGGC 8220      Db  9241 GACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCTCGTGATCCGCC 9300

Qy  8221 TAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGCAG 8280      Qy  9301 TGCCTCCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTAGCTGTGAGCCACCGTGCCCGGTCAAA 9360
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8221 TAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGCAG 8280      Db  9301 TGCCTCCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTAGCTGTGAGCCACCGTGCCCGGTCAAA 9360

Qy  8281 ACGGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGGAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCATGAACCCCAGGAGG 8340      Qy  9361 AGAGTCTTAATATATATCCAGATGGCATTCTGTCTTGACAGTGTTTACTTTATGTTACTCACTTG 9420
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8281 ACGGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGGAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCATGAACCCCAGGAGG 8340      Db  9361 AGAGTCTTAATATATATCCAGATGGCATTCTGTCTTGACAGTGTTTACTTTATGTTACTCACTTG 9420

Qy  8341 CAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGATCTCGCGCCACTGCACTCCAGCCTGGGCGACAGAGTGAGA 8400      Qy  9421 GCTGCATAAATGTTGGTACAAGCATTCTGTCTTGAAGGTGCTTCAGAGTACCATAT 9480
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||                  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8341 CAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGATCTCGCGCCACTGCACTCCAGCCTGGGCGACAGAGTGAGA 8400      Db  9421 GCTGCATAAATGTTGGTACAAGCATTCTGTCTTGAAGGTGCTTCAGGATACCATAT 9480
```

```
Qy   9481  ACAGCTCAGAAGTTCTTCTTCTTAGGCATTAAAATTTAGCAAAGATATCTCATCTCTTCTT  9540
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9481  ACAGCTCAGAAGTTCTTCTTCTTAGGCATTAAAATTTAGCAAAGATATCTCATCTCTTCTT  9540

Qy   9541  TTAAACCATTTTCTTTTTTTGTGGTTAGAAAAGTTATGTAGAAAAAAGTAAATGTGATTT  9600
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9541  TTAAACCATTTTCTTTTTTTGTGGTTAGAAAAGTTATGTAGAAAAAAGTAAATGTGATTT  9600

Qy   9601  ACGCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAATGAATACAATTAAAGCTGTTATTTAATTTAGCCAG  9660
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9601  ACGCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAATGAATACAATTAAAGCTGTTATTTAATTTAGCCAG  9660

Qy   9661  TGAAAAACTATTAACAACTGTCTATTACCTGTTAGTATTATTGTTGCATTAAAAATGCA  9720
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9661  TGAAAAACTATTAACAACTGTCTATTACCTGTTAGTATTATTGTTGCATTAAAAATGCA  9720

Qy   9721  TATACTTTAATAAATGTATATATTGTATTGTGTATATACTTTATTGAAGTTCTTGTTC  9780
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9721  TATACTTTAATAAATGTATATATTGTATTGTGTATATACTTTATTGAAGTTCTTGTTC  9780

Qy   9781  ATCTTGTGTATATACTTAATCGCTTTGTCATTTTGGAGACATTTATTTTGCTTCTAATTT  9840
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9781  ATCTTGTGTATATACTTAATCGCTTTGTCATTTTGGAGACATTTATTTTGCTTCTAATTT  9840

Qy   9841  CTTTACATTTTGTCTTACGGAATATTTCATTCAACTGTGGTAGCCGAATTAATCGTGTT  9900
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9841  CTTTACATTTTGTCTTACGGAATATTTCATTCAACTGTGGTAGCCGAATTAATCGTGTT  9900

Qy   9901  TCTTCACTCTAGGGACATTGTCGTCTAAGTTGTAAGACATTGGTTATTTTACCAGCAAAC  9960
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9901  TCTTCACTCTAGGGACATTGTCGTCTAAGTTGTAAGACATTGGTTATTTTACCAGCAAAC  9960

Qy   9961  CATTCTGAAAGCATATGACAAATTATTTCTCTCTTAATATCTTAATACTGAAAGCAGA  10020
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9961  CATTCTGAAAGCATATGACAAATTATTTCTCTCTTAATATCTTAATACTGAAAGCAGA  10020

Qy  10021  CTGCTATAAGGCTTCACTTACTCTTCTACCCTCATAAGGAATATGTTACAATTAATTTATT  10080
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10021  CTGCTATAAGGCTTCACTTACTCTTCTACCCTCATAAGGAATATGTTACAATTAATTTATT  10080

Qy  10081  AGGTAAGCATTTGTTTTATATTGGTTTATTTGTTTATTTATTTCACCTGGGCTGGCTGAGATTTCAAGAAACACC  10140
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10081  AGGTAAGCATTTGTTTTATATTGGTTTATTTGTTTATTTATTTCACCTGGGCTGGCTGAGATTTCAAGAAACACC  10140

Qy  10141  CCAGTCTTCACAGTAACAACATTTACTAACAACATTTACTAACATCAGCAACTGTGGCCT  10200
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10141  CCAGTCTTCACAGTAACAACATTTACTAACAACATTTACTAACATCAGCAACTGTGGCCT  10200

Qy  10201  GTTAATTTTTTAATAGAAATTTAAGTCCTCATTTTCTTTCGGTGTTTTTTAAGCTTAA  10260
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10201  GTTAATTTTTTAATAGAAATTTAAGTCCTCATTTTCTTTCGGTGTTTTTTAAGCTTAA  10260

Qy  10261  TTTTTCTGGCTTTATTCATAAAATCTTAAGGTCAACTACATTTGAAAAATCAAAGACCTG  10320
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10261  TTTTTCTGGCTTTATTCATAAAATCTTAAGGTCAACTACATTTGAAAAATCAAAGACCTG  10320

Qy  10321  CATTTTAAATTCTTATTCACCTCTGCAAAACCATTCACAAACCATGGTAGTAAAGAGAA  10380
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10321  CATTTTAAATTCTTATTCACCTCTGCAAAACCATTCACAAACCATGGTAGTAAAGAGAA  10380

Qy  10381  GGGTGACACCTGGTGGCCATAGGTAAAATGTACCACGGTGTCCGGTGACCAGAGATGCAG  10440
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10381  GGGTGACACCTGGTGGCCATAGGTAAAATGTACCACGGTGTCCGGTGACCAGAGATGCAG  10440

Qy  10441  CGCTGAGGGTTTCCTGAAGAAAAGCCCCTGAAAAGTGGTGAGGGGCCTGCACTGGAA  10500
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10441  CGCTGAGGGTTTCCTGAAGAAAAGCCCCTGAAAAGTGGTGAGGGGCCTGCACTGGAA  10500

Qy  10501  ATCACTTGTAGAGAAAAGCCCCTGAAAATTTGAGAAAACAAGAAACTACTTACCAG  10560
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10501  ATCACTTGTAGAGAAAAGCCCCTGAAAATTTGAGAAAACAAGAAACTACTTACCAG  10560

Qy  10561  CTATTTGAATTGCTGGAATCACAGGCCATTGCAGTCTGGAATCTCTGATAATCATCTGAGTCAAGTCAGGTGCCTGAGCTGCCTGCT  10620
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10561  CTATTTGAATTGCTGGAATCACAGGCCATTGCAGTCTGGAATCTCTGATAATCATCTGAGTCAAGTCAGGTGCCTGAGCTGCCTGCT  10620

Db  10621  AAGGAAAACAAACCACCTCGATAATCATTGAGTCAAGTCAGGTGATTGAGGACTGC  10680
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10621  AAGGAAAACAAACCACCTCGATAATCATTGAGTCAAGTCAGGTGATTGAGGACTGC  10680

Qy  10681  TGAGAGGTACAGGCCAAAATCTTATGTGTGATTGATTATAATAATGTCATCTTATAAATACTGT  10740
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10681  TGAGAGGTACAGGCCAAAATCTTATGTGTGATTGATTATAATAATGTCATCTTATAAATACTGT  10740

Qy  10741  CAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTCACCACACATTAAAAACAAAACACTGTCTC  10800
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10741  CAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTCACCACACATTAAAAACAAAACACTGTCTC  10800

Qy  10801  TAAAATCCCAAATTTTCATAAAC  10825
           ||||||||||||||||||||||||
Db  10801  TAAAATCCCAAATTTTCATAAAC  10825
```

RESULT 15
US-09-503-444A-5
; Sequence 5, Application US/09503444A
; Patent No. 6228594
GENERAL INFORMATION:
  APPLICANT: Thomas, Winston J.
  APPLICANT: Drayna, Dennis T.
  APPLICANT: Feder, John N.
  APPLICANT: Gnirke, Andreas
  APPLICANT: Ruddy, David
  APPLICANT: Tsuchihashi, Zenta
  APPLICANT: Wolff, Roger K.
  TITLE OF INVENTION: Hereditary Hemochromatosis Gene
  NUMBER OF SEQUENCES: 44
  CORRESPONDENCE ADDRESS:
    ADDRESSEE: Pennie & Edmonds LLP
    STREET: 1155 Avenue of the Americas
    CITY: New York
    STATE: New York
    COUNTRY: USA
    ZIP: 10036
  COMPUTER READABLE FORM:
    MEDIUM TYPE: Floppy disk
    COMPUTER: IBM PC compatible
    OPERATING SYSTEM: Windows 95
    SOFTWARE: WordPerfect Version 8
  CURRENT APPLICATION DATA:
    APPLICATION NUMBER: US/09/503,444A
    FILING DATE: 14-Feb-2000
  CLASSIFICATION:
  PRIOR APPLICATION DATA:
    APPLICATION NUMBER: 08/652,265
    FILING DATE: 23-May-1996
  PRIOR APPLICATION DATA:
    APPLICATION NUMBER: 08/632,673
    FILING DATE: 16-Apr-1996
  PRIOR APPLICATION DATA:
    APPLICATION NUMBER: 08/630,912
    FILING DATE: 04-Apr-1996
  ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
    NAME: Poissant, Brian M.
    REGISTRATION NUMBER: 28,462
    REFERENCE/DOCKET NUMBER: 8907-0088-999
  TELECOMMUNICATION INFORMATION:
    TELEPHONE: 212-790-9090
    TELEFAX: 212-869-9741
    TELEX: 66141
INFORMATION FOR SEQ ID NO: 5:
  SEQUENCE CHARACTERISTICS:
    LENGTH: 10825 base pairs
    TYPE: nucleic acid
    STRANDEDNESS: single
    TOPOLOGY: linear

```
MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
FEATURE:
    NAME/KEY: CDS
    LOCATION: join(361..436, 3762..4025, 4235..4510, 5606..5881,
    LOCATION: 6040..6153, 7107..7147)
    OTHER INFORMATION: /product= "Hereditary Hemochromatosis
    OTHER INFORMATION: mutation"
    OTHER INFORMATION: /note= "Hereditary Hemochromatosis (HH)
    OTHER INFORMATION: gene 24d2 allele"
FEATURE:
    NAME/KEY: -
    LOCATION: 140..7319
    OTHER INFORMATION: /note= "start and stop positions for
    OTHER INFORMATION: 24d2 allele cDNA (SEQ ID NO:11)"
FEATURE:
    NAME/KEY: -
    LOCATION: 3852..3891
    OTHER INFORMATION: /note= "start and stop positions for
    OTHER INFORMATION: genomic sequence surrounding variant
    OTHER INFORMATION: for 2442(G) allele (SEQ ID NO:42)"
FEATURE:
    NAME/KEY: -
    LOCATION: 5507..6023
    OTHER INFORMATION: /note= "start and stop positions for
    OTHER INFORMATION: genomic sequence surrounding variant
    OTHER INFORMATION: for 2441(G) allele (SEQ ID NO:20)"
FEATURE:
    NAME/KEY: allele
    LOCATION: replace(3872, "g")
    OTHER INFORMATION: /phenotype= "Hereditary Hemochromatosis
    OTHER INFORMATION: /label= 24d2
US-09-503-444A-5
```

```
Query Match           100.0%;   Score 10821.8;   DB 4;   Length 10825;
Best Local Similarity 100.0%;   Pred. No. 0;
Matches 10823;  Conservative  0;  Mismatches  2;  Indels  0;  Gaps  0;
```

```
Qy     1   TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTAAATGTATGATTGAATTTGAAAATCATAAAATATTTA    60
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1   TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTAAATGTATGATTGAATTTGAAAATCATAAAATATTTA    60

Qy    61   AATATCTAAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTTCCCCAATCAACACACCCCT   120
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    61   AATATCTAAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTTCCCCAATCAACACACCCCT   120

Qy   121   TCAGGATTTAAAAACCAAGGGGACACTGGATCACCTAGTGTTTCACAAGCAGGTACCTT   180
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   121   TCAGGATTTAAAAACCAAGGGGACACTGGATCACCTAGTGTTTCACAAGCAGGTACCTT   180

Qy   181   CTGCTGTAGGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTTGCTTTTCACCAGGAAGTT     240
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   181   CTGCTGTAGGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTTGCTTTTCACCAGGAAGTT     240

Qy   241   TTACTGGGCATCTCCTGAGCTCAGGCAATAGCCTGCCAATCCCCG                300
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   241   TTACTGGGCATCTCCTGAGCTCAGGCAATAGCCTGCCAATCCCCG                300

Qy   301   TTTCCCCCCCCCCAAAAGAAGAGCCGAGATTTAACGGGGACGTGCCGGCCAGAGCTGGGGAA  360
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   301   TTTCCCCCCCCCCAAAAGAAGAGCCGAGATTTAACGGGGACGTGCCGGCCAGAGCTGGGGAA  360

Qy   361   ATGGGGCCGCGAGCCCAGGCCGGCGCTTCTGATGCTTTTGCAGACCGCGGGTCCTG      420
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   361   ATGGGGCCGCGAGCCCAGGCCGGCGCTTCTGATGCTTTTGCAGACCGCGGGTCCTG      420

Qy   421   CAGGGGGCGCTTGCTGCGTGAGTCCGAGGCGTCGCGGCCGAACTAGGGCGCGGGGGTG    480
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   421   CAGGGGGCGCTTGCTGCGTGAGTCCGAGGCGTCGCGGCCGAACTAGGGCGCGGGGGTG    480
```

```
Qy   481   GAAAAATCGAAACTAGCTTTTCTTTGCGCTTGGGAGTTGCTAACTTTGGAGGACCTGC    540
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   481   GAAAAATCGAAACTAGCTTTTCTTTGCGCTTGGGAGTTGCTAACTTTGGAGGACCTGC    540

Qy   541   TCAACCCTATCCGCAAGCCCTCTACTTTCTGCGTCCAGACCCGTGAGGGAGTGC        600
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   541   TCAACCCTATCCGCAAGCCCTCTACTTTCTGCGTCCAGACCCGTGAGGGAGTGC        600

Qy   601   CTACCACTGAACTGCAGATAGGGGTCCCTCGCCCGCCCCAGGACCTGCCCCCTGCCCCCCCCCGGCTGT  660
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   601   CTACCACTGAACTGCAGATAGGGGTCCCTCGCCCGCCCCAGGACCTGCCCCCTGCCCCCCCCCGGCTGT  660

Qy   661   CCCGGCTCGCGGAGTGACTTTGGAACCGCCCACTCCCTTCCCCCCCAACTAGAATGCTTT   720
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   661   CCCGGCTCGCGGAGTGACTTTGGAACCGCCCACTCCCTTCCCCCCCAACTAGAATGCTTT   720

Qy   721   TAAATAAATCTCGTAGTTCCTCACTTGAGCTGAGCTAAGCCTGGGGCTCCTGAACCTGG   780
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   721   TAAATAAATCTCGTAGTTCCTCACTTGAGCTGAGCTAAGCCTGGGGCTCCTGAACCTGG   780

Qy   781   AACTCGGGTTTATTTCCAATGTCAGCTGTGCAGTTTTTCCCAGTCATCTCCAAACAGG    840
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   781   AACTCGGGTTTATTTCCAATGTCAGCTGTGCAGTTTTTCCCAGTCATCTCCAAACAGG    840

Qy   841   AAGTTCTTCCCGAGTGCTGCCGAGAAGGCTGAGCAAACCCACAGCAGGATCCGCACGG    900
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   841   AAGTTCTTCCCGAGTGCTGCCGAGAAGGCTGAGCAAACCCACAGCAGGATCCGCACGG    900

Qy   901   GGTTTCCACCTCAGAACCAATGCGTTGGGCGGTGGGGCGCGAAAGAGTGGGCGTTGGGGA   960
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   901   GGTTTCCACCTCAGAACCAATGCGTTGGGCGGTGGGGCGCGAAAGAGTGGGCGTTGGGGA   960

Qy   961   TCTGAATTCTTCACCATTCCACCCACTTTTGGTGAGACCTGGGGTGGAGGTCTCTAGGGT  1020
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   961   TCTGAATTCTTCACCATTCCACCCACTTTTGGTGAGACCTGGGGTGGAGGTCTCTAGGGT  1020

Qy  1021   GGGAGGCTCCTGAGAGAGGCCTACCTCGGGGCCTTCCCCACTCTTGCAATTGTTCTTTT   1080
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1021   GGGAGGCTCCTGAGAGAGGCCTACCTCGGGGCCTTCCCCACTCTTGCAATTGTTCTTTT   1080

Qy  1081   GCCTGGAAAATTAAGTATATGTTTGAGTTTGAACGTTTGAACTGAACAATTCTCTTTTCGG  1140
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1081   GCCTGGAAAATTAAGTATATGTTTGAGTTTGAACGTTTGAACTGAACAATTCTCTTTTCGG  1140

Qy  1141   CTAGGCTTTATTGATTTGCAATGTGCTGTGTAATTAAGAGGCCTCTCTACAAAGTACTGA  1200
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1141   CTAGGCTTTATTGATTTGCAATGTGCTGTGTAATTAAGAGGCCTCTCTACAAAGTACTGA  1200

Qy  1201   TAATGAACATGTAAGCAATGACTCACTCTAAGTTACATTCATATCTGATCTTATTTGA   1260
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1201   TAATGAACATGTAAGCAATGACTCACTCTAAGTTACATTCATATCTGATCTTATTTGA   1260

Qy  1261   TTTTCACTAGGCATAGGGAGGAGGTAGGAGCTAATAATAATACGTTTATTTTACTGAAGTTAACT  1320
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1261   TTTTCACTAGGCATAGGGAGGAGGTAGGAGCTAATAATAATACGTTTATTTTACTGAAGTTAACT  1320

Qy  1321   GGAATTCAGATTATATATAACTCTTTTCAGGTTACAACATAAATAATCTGGTTTTCTG   1380
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1321   GGAATTCAGATTATATATAACTCTTTTCAGGTTACAACATAAATAATCTGGTTTTCTG   1380

Qy  1381   ATGTTATTTCAAGTACTACAGCTGCTTCTAATCTTAGTTGACAGTGATTTTGCCCGTAG   1440
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1381   ATGTTATTTCAAGTACTACAGCTGCTTCTAATCTTAGTTGACAGTGATTTTGCCCGTAG   1440

Qy  1441   TGTAGCACAGTGTTCTGTGGGTCACACGCCCGCCCTCAGCACAGCACTTTGAGTTTTGGTA  1500
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1441   TGTAGCACAGTGTTCTGTGGGTCACACGCCCGCCCTCAGCACAGCACTTTGAGTTTTGGTA  1500

Qy  1501   CTACGTGTATCCACATTTACACATGACAAGAATGACGCATTGGCACGGCCGCCTGCTTCCTGG  1560
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1501   CTACGTGTATCCACATTTACACATGACAAGAATGACGCATTGGCACGGCCGCCTGCTTCCTGG  1560

Qy  1561   CAAATTTATTCAATGGTACACTGGGCTTTGTGTGGCCAGAGCTCATGTCATCCTTCCACTTCATAGC  1620
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db  1561 CAAATTTATTCAATGGTACACTGGCTTTGGTGGCAGAGCTCATGTCTCCACTTCATAGC 1620

Qy  1621 TATGATTCTTAAACATCACACTGCATTGAGGTTGAATAATAAAATTTCATGTTGAGCAG 1680
         |||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1621 TATGATTCTTAAACATCACACTGCATTAGAGGTTGAATAATAAAATTTCATGTTGAGCAG 1680

Qy  1681 AAATATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGTCCCAGCCCATGTTGCACTGTTCAAGCCC 1740
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1681 AAATATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGTCCCAGCCCATGTTGCACTGTTCAAGCCC 1740

Qy  1741 CAAGGGAGAGAGCAGGGAAACAAGTCTTTACCCTTTGATTATTTTGCATTCTAGTGGGAGA 1800
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1741 CAAGGGAGAGAGCAGGGAAACAAGTCTTTACCCTTTGATTATTTTGCATTCTAGTGGGAGA 1800

Qy  1801 GATGACAATAAGCAAATGAGCAGAAAGAATATACAACATCAGGAAATCATGGGTGTTGTGA 1860
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1801 GATGACAATAAGCAAATGAGCAGAAAGAATATACAACATCAGGAAATCATGGGTGTTGTGA 1860

Qy  1861 GAAGCAGAGAGTCAGGGCAAGTCACTCTGGGCTGACACTTGAGCAGAGACATGAAGGA 1920
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1861 GAAGCAGAGAGTCAGGGCAAGTCACTCTGGGCTGACACTTGAGCAGAGACATGAAGGA 1920

Qy  1921 AATAAGAATGATATTGACTGGGACAGTATTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCCTGGCAAG 1980
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1921 AATAAGAATGATATTGACTGGGACAGTATTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCCTGGCAAG 1980

Qy  1981 TTGGATTAAAAAGCCGGTTTTCTCAGCCACTACTCATGTGTGTGTGTGGGGGGGGGGG 2040
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1981 TTGGATTAAAAAGCCGGTTTTCTCAGCACTACTCATGTGTGTGTGTGGGGGGGGGGG 2040

Qy  2041 CGGCGTGGGGTGGGAAGGGGGACTACCACTGGCACCTGCATGTAGGATGTCTAGCAGTATCCTGT 2100
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2041 CGGCGTGGGGTGGGAAGGGGGACTACCACTGGCACCTGCATGTAGGATGTCTAGCAGTATCCTGT 2100

Qy  2101 CCTCCCTACTCACTAGGTGCTAGGAGCACTCCCCCCAGTCTTGACAACCAAAAATGTCTCT 2160
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2101 CCTCCCTACTCACTAGGTGCTAGGAGCACTCCCCCCAGTCTTGACAACCAAAAATGTCTCT 2160

Qy  2161 AAACTTTGCCACATGTCACCTAGTAGACAAACTCCTGGTTAAGAAGCTCGGGTTGAAAAA 2220
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2161 AAACTTTGCCACATGTCACCTAGTAGACAAACTCCTGGTTAAGAAGCTCGGGTTGAAAAA 2220

Qy  2221 AATAAACAAGTAGTGCTGGGGAGTAGAGGCCAAGAAGTAGGTAATGGCTCAGAAGAGA 2280
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2221 AATAAACAAGTAGTGCTGGGGAGTAGAGGCCAAGAAGTAGGTAATGGCTCAGAAGAGA 2280

Qy  2281 GCCACAAACAAGGTGTGCAGGCGCCTGTAGGCTGTGGTGTGAATTCTAGCCAAGGAGTA 2340
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2281 GCCACAAACAAGGTGTGCAGGCGCCTGTAGGCTGTGGTGTGAATTCTAGCCAAGGAGTA 2340

Qy  2341 ACAGTGATCTCTGCACAGGCTTTTAAAGATTGCTCTGCTATGTGGAAAGCAGAATGG 2400
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2341 ACAGTGATCTCTGCACAGGCTTTTAAAGATTGCTCTGCTATGTGGAAAGCAGAATG 2400

Qy  2401 AAGGGAGCAACAGTAAAGCAGGGAGCCCAGCCAAGCTGTTACACAGTCCAGGCAAG 2460
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2401 AAGGGAGCAACAGTAAAGCAGGGAGCCCAGCCAAGCTGTTACACAGTCCAGGCAAG 2460

Qy  2461 AGGTAGTGGAGGTGGCTGAAGGCTTTGATGGTGTGTGTGGGCTGTGTATGTGGAGAGAAGAATTGG 2520
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2461 AGGTAGTGGAGGTGGCTGAAGGCTTTGATGGTGTGTGTGGGCTGTGTATGTGGAGAGAAGAATTGG 2520

Qy  2521 TATATTCTGAAGGAGTTGCTGAAGGAGTTCATGTTGTGTGAGAGAAGAAGAATTGG 2580
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2521 TATATTCTGAAGGAGTTGCTGAAGGAGTTCATGTTGTGTGAGAGAAGAAGAATTGG 2580

Qy  2581 CTGGGTGTAGTAGCTCATGCCAACGTAAAAGCCCAGGAGGCCAAGGCAGGCTCAGGA 2640
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2581 CTGGGTGTAGTAGCTCATGCCAACGTAAAAGCCCAGGAGGCCAAGGCAGGCTCAGGA 2640

Qy  2641 GTTCAAGACCAGCCTGGGCCAACACAGCGAAACCCCTTCTACTAAAAAATACAAAAATTA 2700
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2641 GTTCAAGACCAGCCTGGGCCAACACAGCGAAACCCCTTCTACTAAAAAATACAAAAATTA 2700
```

```
Qy  2701 GCTGGGTGGTGTGGCATGCACCTGTGATCCTAGCTACTCGGGAGGCTGAGGTGAGGTGGAGGTA 2760
         ||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2701 GCTGGGTGGTGGCTGCATGCACCTGTGATCCTAGCTACTCGGGAGGCTGAGGTGAGGTGGAGGTA 2760

Qy  2761 TTGCTTGAGCCCAGGAGTTGAGGCTGCAGTGAGCCATGAGCTGTGCCACTGACTTCAGC 2820
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2761 TTGCTTGAGCCCAGGAGTTGAGGCTGCAGTGAGCCATGAGCTGTGCCACTGACTTCAGC 2820

Qy  2821 CTAGGTGACAGAGCAAGACCCTGTCCCCTGACCCCCTGAAAAAGAGAAGAGAGTAAAGT 2880
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2821 CTAGGTGACAGAGCAAGACCCTGTCCCCTGACCCCCTGAAAAAGAGAAGAGAGTAAAGT 2880

Qy  2881 TGACTTTGTTCTTTATTTTAATTTATTGGCCTGAGCAGTGGGTAATTGGCAATGGCCAT 2940
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2881 TGACTTTGTTCTTTATTTTAATTTATTGGCCTGAGCAGTGGGTAATTGGCAATGGCCAT 2940

Qy  2941 TTCTGAGATGGTGAAGGCAGAGGAAAGAGCAGTTGGGGTAAATCAAGGACTCGCATTTG 3000
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||
Db  2941 TTCTGAGATGGTGAAGGCAGAGGAAAGAGCAGTTGGGGTAAATCAAGGATCTGCATTTG 3000

Qy  3001 GGACATGTTAAGTTTGAGATTCCAGTCAGGCTTCCAAGTGGTGAGGCCACATAGGCAGTT 3060
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3001 GGACATGTTAAGTTTGAGATTCCAGTCAGGCTTCCAAGTGGTGAGGCCACATAGGCAGTT 3060

Qy  3061 CAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGCCACGGTGGCTCACTTCTGTAATCCCAGCACT 3120
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3061 CAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGCCACGGTGGCTCACTTCTGTAATCCCAGCACT 3120

Qy  3121 TTGGTGGCTGAGGCAGGTAGATCATTTGAGGTTCAGGAGTTTGAGACAAGCTTGGCCAACA 3180
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3121 TTGGTGGCTGAGGCAGGTAGATCATTTGAGGTTCAGGAGTTTGAGACAAGCTTGGCCAACA 3180

Qy  3181 TGGTGAAACCCCATGTCTACTAAAAATACAAAAATTAGCCTGGGCGTGGTGGCGCCACGCCT 3240
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3181 TGGTGAAACCCCATGTCTACTAAAAATACAAAAATTAGCCTGGGCGTGGTGGCGCCACGCCT 3240

Qy  3241 ATAGTCCCAGGTTTTCAGGAGGCTTAGGTAGGAGAATCCCTTGAACCCAGGAGGTGCAGG 3300
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3241 ATAGTCCCAGGTTTTCAGGAGGCTTAGGTAGGAGAATCCCTTGAACCCAGGAGGTGCAGG 3300

Qy  3301 TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGATAGAGTGAGACTCTGT 3360
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3301 TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGATAGAGTGAGACTCTGT 3360

Qy  3361 CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATTTGGG 3420
         ||||||||||||||||       ||||||||||||||||||||||||||
Db  3361 CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATTTGGG 3420

Qy  3421 TCTAATTGCCCTGAGCACCAACTCCTGAGTTCAACTACCACCTTCAACACACCTTAAC 3480
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3421 TCTAATTGCCCTGAGCACCAACTCCTGAGTTCAACTACCACCTTCAACACACCTTAAC 3480

Qy  3481 ATTTTCTAGAATCCACCAGCTTTAGTGGAGTCTGTCTAATCATGAGTCATTGGAATAGGAT 3540
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3481 ATTTTCTAGAATCCACCAGCTTTAGTGGAGTCTGTCTAATCATGAGTCATTGGAATAGGAT 3540

Qy  3541 CTGGGGCAGTGAGCGGGGTGGCAGCCACGTGTGCGACAGTGTGGCCAGGAAAAGCACACAAGGAAAGAGC 3600
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3541 CTGGGGCAGTGAGCGGGGTGGCAGCCACGTGTGCGACAGTGTGGCCAGGAAAAGCACACAAGGAAAGAGC 3600

Qy  3601 ACCCAGGACTGTCATATGGGAAGAAAGAAAGACTGCAACTGCAACCTTCACCAAAATGAGGA 3660
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||
Db  3601 ACCCAGGACTGTCATATGGGAAGAAAGAAAGACTGCAACTGCAACCCTTCACCAAAATGAGGA 3660

Qy  3661 CCAGACACAGCTGATGGTATGGAGTCAGGTGTGTGGAGCCTCAAACATCCTGCTCCCC 3720
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3661 CCAGACACAGCTGATGGTATGGAGTCAGGTGTGTGGAGCCTCAAACATCCTGCTCCCC 3720

Qy  3721 CTCCTACTACCACATGTTAAGGCCTTGTCTGTCTCCAGGTTCACACTCTCTCCACTA 3780
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3721 CTCCTACTACCACATGTTAAGGCCTTGTCTGTCTCCAGGTTCACACTCTCTCCACTA 3780
```

Qy 3781 CCTCTTCATGGGTGCCTCAGAGCAGGACCTTGGTCTTCCTTGTTGAAGCTTTGGGCTA 3840
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 3781 CCTCTTCATGGGTGCCTCAGAGCAGGACCTTGGTCTTCCTTGTTGAAGCTTTGGGCTA 3840

Qy 3841 CGTGGATGACCAGCTGGTGTCTGTTCTCATGATCATGAGAGTCGCCGTGTCGGAGCCCCGAAC 3900
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 3841 CGTGGATGACCAGCTGGTGTCTGTTCTCATGATCATGAGAGTCGCCGTGTCGGAGCCCCGAAC 3900

Qy 3901 TCCATGGGTTCCAGTAGAATTCAAGCCAGATGGCTCAGCTGAGTCAGAGTCTGAA 3960
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 3901 TCCATGGGTTCCAGTAGAATTCAAGCCAGATGGCTCAGCTGAGTCAGAGTCTGAA 3960

Qy 3961 AGGGTGGGATCACATGTTCACTGTTGACTTCTGGACTATTATGGAAAATCACAACCACAG 4020
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 3961 AGGGTGGGATCACATGTTCACTGTTGACTTCTGGACTATTATGGAAAATCACAACCACAG 4020

Qy 4021 CAAGGTATGTGGAGAGGGGCCTCACCTTCCTGAGGTTGTCAGAGCTTTCATCTTTTC 4080
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 4021 CAAGGTATGTGGAGAGGGGCCTCACCTTCCTGAGGTTGTCAGAGCTTTCATCTTTTC 4080

Qy 4081 ATGCATCTTGAAGGAAACAGCTGGAAGTCTGAGGTCTTGTGGGAGCAGGAAGAGGGAAG 4140
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 4081 ATGCATCTTGAAGGAAACAGCTGGAAGTCTGAGGTCTTGTGGGAGCAGGAAGAGGGAAG 4140

Qy 4141 GAATTTGCTTCCTGAGATCATTGGTCCTTGGGGATTTCCAGAGTGGGAAATAGGGACCTATTCCTT 4200
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 4141 GAATTTGCTTCCTGAGATCATTGGTCCTTGGGGATTTCCAGAGTGGGAAATAGGGACCTATTCCTT 4200

Qy 4201 TGGTTGCAGTTAACAAGGCTGGGGATTTTCCAGAGTCCCACACCCTGCAGTCATCCTG 4260
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 4201 TGGTTGCAGTTAACAAGGCTGGGGATTTTCCAGAGTCCCACACCCTGCAGTCATCCTG 4260

Qy 4261 GGCTGTGAAATGCAAGAGAGACACAGTACCGAGGGCTACTGGAGAGCAGCAGAACCCAGGGCC 4320
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 4261 GGCTGTGAAATGCAAGAGAGACACAGTACCGAGGGCTACTGGAGAGCAGCAGAACCCAGGGCC 4320

Qy 4321 CAGGACCACCTTGAATTCGCCCTGAGAAGGCACAAGATTCGGGCCCAGAGGGGCCTAC 4380
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 4321 CAGGACCACCTTGAATTCGCCCTGAGAAGGCACAAGATTCGGGCCCAGAGGGGCCTAC 4380

Qy 4381 TGGCCCACCAAGCTGAGTGGGAAAAGGCCACAGAGGTGCCTGCAGGCTGTGTGCCTAC 4440
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 4381 TGGCCCACCAAGCTGAGTGGGAAAAGGCCACAGAGGTGCCTGCAGGCTGTGTGCCTAC 4440

Qy 4441 CTGGAGAGGGACTGCCCTGCACAGCTCAGCAGTTGCTGGAGCTGGGGGAGAGGTGTTTG 4500
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 4441 CTGGAGAGGGACTGCCCTGCACAGCTCAGCAGTTGCTGGAGCTGGGGGAGAGGTGTTTG 4500

Qy 4501 GACCAACAAGGTATGGTGGAAACACCACACTTCTGCCCCTATACTCTAGTTGGCAGAGTGGAGG 4560
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 4501 GACCAACAAGGTATGGTGGAAACACCACACTTCTGCCCCTATACTCTAGTTGGCAGAGTGGAGG 4560

Qy 4561 AGGTTGCAGCCACAAGCTGGGAATCCCTGGTTGGAGTTTCAGAGGTGCTGTGTGCCTC 4620
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 4561 AGGTTGCAGCCACAAGCTGGGAATCCCTGGTTGGAGTTTCAGAGGTGCTGTGTGCCTC 4620

Qy 4621 TCCAAATTCTGGGAAGGGACTTTCTCAATCCTAGAGTCTCTCAATCCTATAATTGAGATGTA 4680
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 4621 TCCAAATTCTGGGAAGGGACTTTCTCAATCCTAGAGTCTCTCAATCCTATAATTGAGATGTA 4680

Qy 4681 TGAGACAGCCACAAGTCACAGCCCTTGGTTTAATTTCTTCTTCCATGCATAATCTTTGTATTTATACCTGTTAA 4740
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 4681 TGAGACAGCCACAAGTCACAGCCCTTGGTTTAATTTCTTCTTCCATGCATAATCTTTGTATTTATACCTGTTAA 4740

Qy 4741 GTGTCTATGGCCCTTGCTTTATTTAATTTAACCAATAATCTTTGTATTTATACCTGTTAA 4800
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 4741 GTGTCTATGGCCCTTGCTTTATTTAATTTAACCAATAATCTTTGTATTTATACCTGTTAA 4800

Qy 4801 AAATTCAGAAATGTCAAGGCCACGGCTGCTCACCCGTCTAATCCCGTGAATCCCAGCACTTTGGG 4860
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 4801 AAATTCAGAAATGTCAAGGCCACGGCTGCTCACCCGTCTAATCCCGTGAATCCCAGCACTTTGGG 4860

Qy 4861 AGGCCGAGGCGGGTGGTCACAAGTCAGGAGTTTGAGACCAGCCTGACCAACATGGTGA 4920

Db 4861 AGGCCGAGGCGGGTGGTCACAAGTCAGGAGTTTGAGACCAGCCTGACCAACATGGTGA 4920
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy 4921 ACCCGTCTCTAAAAAATACAAAAATTAGCTGGTCACAGTGGTCATGCGCACCTGTAGTCCCA 4980
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 4921 ACCCGTCTCTAAAAAATACAAAAATTAGCTGGTCACAGTGGTCATGCGCACCTGTAGTCCCA 4980

Qy 4981 GCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGAGGCATCGTGAACCTGGGAGGCGGAGGTTGCACTGA 5040
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 4981 GCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGAGGCATCGTGAACCTGGGAGGCGGAGGTTGCACTGA 5040

Qy 5041 GCCAAGATCGCGGCCACTGCACCTCCAGCCTAGGCAGCAGAGTGAGACTCCATCTTAAAAAA 5100
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 5041 GCCAAGATCGCGGCCACTGCACCTCCAGCCTAGGCAGCAGAGTGAGACTCCATCTTAAAAAA 5100

Qy 5101 AAAAAAAAAAAAAAAGAATTCAGAGATCTCAGCTATCATCATGAATACCAGGACAAA 5160
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 5101 AAAAAAAAAAAAAAAGAATTCAGAGATCTCAGCTATCATCATGAATACCAGGACAAA 5160

Qy 5161 ATATCAAGTGAGGCCACTTATCAGAGTAGAAGAATCTTTAGGTTAAAAGTTTCTTTCAT 5220
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 5161 ATATCAAGTGAGGCCACTTATCAGAGTAGAAGAATCTTTAGGTTAAAAGTTTCTTTCAT 5220

Qy 5221 AGAACATAGCAATAATCACTGAAGCTACCTATCTTACAAGTCCGCTTCTTATAACAATGC 5280
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 5221 AGAACATAGCAATAATCACTGAAGCTACCTATCTTACAAGTCCGCTTCTTATAACAATGC 5280

Qy 5281 CTCCTAGGTTGACCCAGGTGAAACTGACCATCTGTATTCAATCATTTCAATGCACATAA 5340
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 5281 CTCCTAGGTTGACCCAGGTGAAACTGACCATCTGTATTCAATCATTTCAATGCACATAA 5340

Qy 5341 AGGGCAATTTATCTATCAGAACAACAATGGTAACAGATATGTATATTTACATGTG 5400
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 5341 AGGGCAATTTATCTATCAGAACAACAATGGTAACAGATATGTATATTTACATGTG 5400

Qy 5401 AGGAGAACAAGCTGATCTGACTGCCTCTCCAAGTGACACTGTGTTAGAGTCCAATCTTAGG 5460
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 5401 AGGAGAACAAGCTGATCTGACTGCCTCTCCAAGTGACACTGTGTTAGAGTCCAATCTTAGG 5460

Qy 5461 ACACAAAATGGTGTCTCTCCGTAGCTTGTTTTTTCTGAAAAGGGTATTCCTTCCTCC 5520
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 5461 ACACAAAATGGTGTCTCTCCGTAGCTTGTTTTTTCTGAAAAGGGTATTCCTTCCTCC 5520

Qy 5521 AACCTATAGAAGTGAAGTGAAAGTTCCAGTCTTCCTGGCAAGGGTAAACAGATCCCCTCTC 5580
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 5521 AACCTATAGAAGTGAAGTGAAAGTTCCAGTCTTCCTGGCAAGGGTAAACAGATCCCCTCTC 5580

Qy 5581 CTCATCCTTCCTCTTTCCGTCTTGTCAAGTGCCTCTTTGTGAAGTGACACATCATGTGACC 5640
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 5581 CTCATCCTTCCTCTTTCCGTCTTGTCAAGTGCCTCTTTGTGAAGTGACACATCATGTGACC 5640

Qy 5641 TCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGGGCCTTGAACTACTACCCCAGGACTACTACCACCATG 5700
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 5641 TCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGGGCCTTGAACTACTACCCCAGGACTACTACCACCATG 5700

Qy 5701 AAGTGGCTGAAGGATAAGCAGCAGCCAATGGATGCCAAGGAGTTCGAACCTAAAGAGACGTATTG 5760
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 5701 AAGTGGCTGAAGGATAAGCAGCAGCCAATGGATGCCAAGGAGTTCGAACCTAAAGAGACGTATTG 5760

Qy 5761 CCCAATGGGGATGGGACCTACCAGGTGAGCACCACCAGGACACCCCTCATTGTGATCTGG 5820
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 5761 CCCAATGGGGATGGGACCTACCAGGTGAGCACCACCAGGACACCCCTCATTGTGATCTGG 5820

Qy 5821 CAGAGATATACGTACCAGTGAGATGAGAGCCAGGAGACTCATTGGGGTTGAGAGGAGTGCC 5880
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 5821 CAGAGATATACGTACCAGTGAGATGAGAGCCAGGAGACTCATTGGGGTTGAGAGGAGTGCC 5880

Qy 5881 GGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAAAATCTATTGGGGTTGAGAAAATCTATTGGGGTGCC 5940
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 5881 GGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAAAATCTATTGGGGTTGAGAAAATCTATTGGGGTGCC 5940

Qy 5941 TGAGGAGGTAATTATTGGCAGTGAGATGAGGAGATCTGCTCTTTGTTGTGGTGGCTGAGG 6000
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

```
Db  5941 TGAGGAGTGAATATGCCAGTGAGATGAGAGATCGCTCTTTGTTTAGGGGGTGGCTGCGAGG 6000

Qy  6001 GTGGCAATCAAAGGCTTTAACTGCTTTTTCTGTTTGTTTAGAGCCCTCACCGTCTGGCACCC 6060
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6001 GTGGCAATCAAAGGCTTTAACTGCTTTTTCTGTTTGTTTAGAGCCCTCACCGTCTGGCACCC 6060

Qy  6061 TAGTCATTGGAGTCATCAGTGGAATTGCTGTGTTTTGTCGTCATCTTGTTCATTGGAATTT 6120
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6061 TAGTCATTGGAGTCATCAGTGGAATTGCTGTGTTTTGTCGTCATCTTGTTCATTGGAATTT 6120

Qy  6121 TGTTCATATATATTAAGGAAGGAGGCAGGGTTCAAGTGAGTAGGAACAAGGGGGAAGTCTCT 6180
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6121 TGTTCATATATATTAAGGAAGGAGGCAGGGTTCAAGTGAGTAGGAACAAGGGGGAAGTCTCT 6180

Qy  6181 TAGTACCTGCCCCAGGGCACAGTGGGAAGAGGGGCAGAGGGATCTGGCATCCATGGG 6240
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6181 TAGTACCTGCCCCAGGGCACAGTGGGAAGAGGGGCAGAGGGATCTGGCATCCATGGG 6240

Qy  6241 AAGCATTTTTCTCATTTATATTCTTTGGGACACCAGCTCCCTGGGAGACAGAAAAT 6300
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6241 AAGCATTTTTCTCATTTATATTCTTTGGGACACCAGCTCCCTGGGAGACAGAAAAT 6300

Qy  6301 AATGGTTCTCCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCAACAAAACATCTTCAGAGCCACCTACTAT 6360
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6301 AATGGTTCTCCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCAACAAAACATCTTCAGAGCCACCTACTAT 6360

Qy  6361 TTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTAGTACAGGGGCTTGAGGTTGAGAGTCACTGTGCTAT 6420
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6361 TTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTAGTACAGGGGCTTGAGGTTGAGAGTCACTGTGCTAT 6420

Qy  6421 TCTCAGAACCCAAATCTTGGTAGGGAATGAAATTGATAGCAAGTAAATGTAGTTAAAGAAG 6480
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6421 TCTCAGAACCCAAATCTTGGTAGGGAATGAAATTGATAGCAAGTAAATGTAGTTAAAGAAG 6480

Qy  6481 ACCCCATGAGGGTCCTAAAGCAGGCAGGAAGCAGAAATGCTTAGGGTGTCAAAGGAAAGAATG 6540
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6481 ACCCCATGAGGGTCCTAAAGCAGGCAGGAAGCAGAAATGCTTAGGGTGTCAAAGGAAAGAATG 6540

Qy  6541 ATCACATTCAGCTGGGGATCAAGATAGCCTTCTGGAATCTTGAAGGAGAAGCTGGATTCCA 6600
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6541 ATCACATTCAGCTGGGGATCAAGATAGCCTTCTGGAATCTTGAAGGAGAAGCTGGATTCCA 6600

Qy  6601 TTAGGTTGAAGGTTGAAGATGATGGGAGTCTCACAGACGGAGCAACCATCCCAAGTAGGA 6660
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6601 TTAGGTTGAAGGTTGAAGATGATGGGAGTCTCACAGACGGAGCAACCATCCCAAGTAGGA 6660

Qy  6661 GAGTATAGGCATACTGGGGAGATTGGGAGATTAGAAATAATTACTGTGAAATCCTGAGTTGCGT 6720
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6661 GAGTATAGGCATACTGGGGAGATTGGGAGATTAGAAATAATTACTGTGAAATCCTGAGTTGCGT 6720

Qy  6721 AGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCTACCCCCTGAACATCTGTGTGTAGGGAAAAGA 6780
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6721 AGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCTACCCCCTGAACATCTGTGTGTAGGGAAAAGA 6780

Qy  6781 GAATCAGAAGAGCCAGCTCATACAGAGTCTTTGGGATATTGGGTTATGA 6840
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6781 GAATCAGAAGAGCCAGCTCATACAGAGTCTTTGGGATATTGGGTTATGA 6840

Qy  6841 TCACTGGGGTGTCATTGAAGGATCCTAAGAAGAGGAGGACCACGATCTCCCTTATATGGTG 6900
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6841 TCACTGGGGTGTCATTGAAGGATCCTAAGAAGAGGAGGACCACGATCTCCCTTATATGGTG 6900

Qy  6901 AATGTGTTGTTAAGAAGATAAGGTTACAGGGAGGGATGAGGAGACCAGTTAGAAAGCCAATAAGCAT 6960
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6901 AATGTGTTGTTAAGAAGATAAGGTTACAGGGAGGGATGAGGAGACCAGTTAGAAAGCCAATAAGCAT 6960

Qy  6961 TTTCCAGATGAGAGATAAGGAGAGAGAGAAGGCAAGATGTGCCCAGTCTAAATTGAGATGG 7020
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6961 TTTCCAGATGAGAGATAAGGAGAGAGAGAAGGCAAGATGTGCCCAGTCTAAATTGAGATGG 7020

Qy  7021 GTGAATGAGGAAAATAAGGAGAGAGAAGGCAAGATGCTGCCTAGGTTGTTGTCATGCCT 7080
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7021 GTGAATGAGGAAAATAAGGAGAGAGAAGGCAAGATGCTGCCTAGGTTGTTGTCATGCCT 7080


Qy  7081 CTTTCCTGGGCTCTTGTCTCCCACAGGAGGAGCCATGGGGCACTACGTCTCTTAGCTGAACG 7140
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7081 CTTTCCTGGGCTCTTGTCTCCCACAGGAGGAGCCATGGGGCACTACGTCTCTTAGCTGAACG 7140

Qy  7141 TGAGTGACACCGAGCCTGCAGACTCACTGTGGAAGGAGACAAAACTAGAGACTCAAAGA 7200
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7141 TGAGTGACACCGAGCCTGCAGACTCACTGTGGAAGGAGACAAAACTAGAGACTCAAAGA 7200

Qy  7201 GGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCATGTTCAGGAGAGAGTTGAACCTAAACATAGAAATT 7260
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7201 GGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCATGTTCAGGAGAGAGTTGAACCTAAACATAGAAATT 7260

Qy  7261 GCCTGACGAACTCCTTGATTTTAGCCTTCTCTGTTCATTTCCTCAAAAAGATTTCCCAT 7320
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7261 GCCTGACGAACTCCTTGATTTTAGCCTTCTCTGTTCATTTCCTCAAAAAGATTTCCCAT 7320

Qy  7321 TTAGGTTTCTGAGTTCTCTGCATGCCGGTGATCCCCTAGCTGTGACCCTCTCCCCTGAACTG 7380
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7321 TTAGGTTTCTGAGTTCTCTGCATGCCGGTGATCCCCTAGCTGTGACCCTCTCCCCTGAACTG 7380

Qy  7381 TCTCTCATGAACCTCAAGCTGCATCTCAGAGGCTTCCTTCCGTCCGTCACCTCAGAG 7440
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7381 TCTCTCATGAACCTCAAGCTGCATCTCAGAGGCTTCCTTCCGTCCGTCACCTCAGAG 7440

Qy  7441 ACATACACCTATGTCATTTCATTTCCTATTTTGGAAGAGGACTCCTTAAATTTGGGGGA 7500
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7441 ACATACACCTATGTCATTTCATTTCCTATTTTGGAAGAGGACTCCTTAAATTTGGGGGA 7500

Qy  7501 CTTACATGATTCATTTTAAACATCTGAGAAAAGCTTTGAACCCTGGGACGCTGGCTAGTCAT 7560
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7501 CTTACATGATTCATTTTAAACATCTGAGAAAAGCTTTGAACCCTGGGACGCTGGCTAGTCAT 7560

Qy  7561 AACCTTACCAGATTTTTACACAGTATCCATGGTTCTCTCTGGGGACCCGTTCAACTTTTCCT 7620
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7561 AACCTTACCAGATTTTTACACAGTATCCATGGTTCTCTCTGGGGACCCGTTCAACTTTTCCT 7620

Qy  7621 TTGAATCCTCTCTCGTGTTACCCAGTAACTCATCTCGTCACCAAGCCTTGGGGATTCTTC 7680
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7621 TTGAATCCTCTCTCGTGTTACCCAGTAACTCATCTCGTCACCAAGCCTTGGGGATTCTTC 7680

Qy  7681 CATCTGATTCGTGATGTGAGTTGCACAGCTATGAAGGCTGTACACTGCACGAATGGAAGAG 7740
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7681 CATCTGATTCGTGATGTGAGTTGCACAGCTATGAAGGCTGTACACTGCACGAATGGAAGAG 7740

Qy  7741 GCAACCTGTCCCAGAAAAAGCATCATGGCTATCGTGTGGGTAGTATGGGTGTTTTTGTTAGC 7800
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7741 GCAACCTGTCCCAGAAAAAGCATCATGGCTATCGTGTGGGTAGTATGGGTGTTTTTGTTAGC 7800

Qy  7801 AGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGGTTGTGAAGAGGTGTTTTTCTTAATTGGCATGA 7860
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7801 AGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGGTTGTGAAGAGGTGTTTTTCTTAATTGGCATGA 7860

Qy  7861 AGGTGTCATACAGATTTGCAAAGTTTAATGTGCCTTCATTTGGGATGCTACTCTAGTAT 7920
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7861 AGGTGTCATACAGATTTGCAAAGTTTAATGTGCCTTCATTTGGGATGCTACTCTAGTAT 7920

Qy  7921 TCCAGACCTGAAGAATCACAATAATTTTCTACCTGGTCTCTCCTGTTCTGATAATGAAA 7980
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7921 TCCAGACCTGAAGAATCACAATAATTTTCTACCTGGTCTCTCCTGTTCTGATAATGAAA 7980

Qy  7981 ATTATGATAAGGATGATAAAAAGCCACTTACTTCGTGTCCGTCCTGAGCACCTACTTA 8040
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7981 ATTATGATAAGGATGATAAAAAGCCACTTACTTCGTGTCCGTCCTGAGCACCTACTTA 8040

Qy  8041 CATGCATTACTGCATGACACTTCTTACAATAATTCTATGAGATAGAGGTACTATTATCCCCAT 8100
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8041 CATGCATTACTGCATGACACTTCTTACAATAATTCTATGAGATAGAGGTACTATTATCCCCAT 8100

Qy  8101 TTCTTTTTTAAATGAAGAAAGTGAACTAGGCCGGGCACCGGTGGCTCACGCCTGTAATCCC 8160
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8101 TTCTTTTTTAAATGAAGAAAGTGAACTAGGCCGGGCACCGGTGGCTCACGCCTGTAATCCC 8160
```

```
Qy   8161  AGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGCTGTGGATCACGGAGGATCGAGACCATCCTGGC  8220
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8161  AGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGCTGTGGATCACGGAGGATCGAGACCATCCTGGC  8220

Qy   8221  TAACATGGTGAAACCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGCAG  8280
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8221  TAACATGGTGAAACCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGCAG  8280

Qy   8281  ACGGCTGTAGTCCCAGCTACTCGGGAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCATGAACCCAGGAGG  8340
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8281  ACGGCTGTAGTCCCAGCTACTCGGGAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCATGAACCCAGGAGG  8340

Qy   8341  CAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTGCGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGACAGAGTGAGA  8400
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8341  CAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTGCGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGACAGAGTGAGA  8400

Qy   8401  CTCCATCTCAAAAAATAAAAATAAAAATAAAAATAAAAAATGAAAAAAGAAAAAGTGAAGTA  8460
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8401  CTCCATCTCAAAAAATAAAAATAAAAATAAAAATAAAAAATGAAAAAAGAAAAAGTGAAGTA  8460

Qy   8461  TAGAGTATCTCATAGTTGTCAGTGATAGAAAACAGGTTTCAAACTCAGTCAATCTGACCG  8520
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8461  TAGAGTATCTCATAGTTGTCAGTGATAGAAAACAGGTTTCAAACTCAGTCAATCTGACCG  8520

Qy   8521  TTTGATACATCTCAGACACCACTACATTCAGTAGTTTAGATGCCTAGAATAAATAGAGAA  8580
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8521  TTTGATACATCTCAGACACCACTACATTCAGTAGTTTAGATGCCTAGAATAAATAGAGAA  8580

Qy   8581  GGAAGGAGATGGCTCTTCTCTGTGTTCTTCAGCTGTGTCATGTTCTGAGTGAGCTTGAATCACAT  8640
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8581  GGAAGGAGATGGCTCTTCTCTGTGTTCTTCAGCTGTGTCATGTTCTGAGTGAGCTTGAATCACAT  8640

Qy   8641  GAAGGGAACAGCAGAAAACAACCAACTGATCCTCAGCTGTCATGTTCCTTTAAAGTC  8700
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8641  GAAGGGAACAGCAGAAAACAACCAACTGATCCTCAGCTGTCATGTTCCTTTAAAGTC  8700

Qy   8701  CCTGAAGGAAGGTCCTGGAATGTGACTCCCCTTGCTCCTCTGTTGCTCTCTTTGGCATTCA  8760
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8701  CCTGAAGGAAGGTCCTGGAATGTGACTCCCCTTGCTCCTCTGTTGCTCTCTTTGGCATTCA  8760

Qy   8761  TTTCTTTGACCCTACGCAAGGACTGTAATTGGTGGGGACAGCTAGTGGCCCTGCTGGGC  8820
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8761  TTTCTTTGACCCTACGCAAGGACTGTAATTGGTGGGGACAGCTAGTGGCCCTGCTGGGC  8820

Qy   8821  TTCACACGGTGTCCTCCTAGGCCAGTGCCTCTGGAGTCAGAACTCTGGTGTATTTC  8880
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8821  TTCACACGGTGTCCTCCTAGGCCAGTGCCTCTGGAGTCAGAACTCTGGTGTATTTC  8880

Qy   8881  CCTCAATGAGTGGAGTAAGTGGCTAAGTGTATAATGGAAGCCACCAAGTG  8940
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8881  CCTCAATGAGTGGAGTAAGTGGCTAAGTGTATAATGGAAGCCACCAAGTG  8940

Qy   8941  GCTTAGGAGATGCCTCCTCGGCCTCCCCAGGTTCAAGCGATTCTCCGTCTCAGCCTCCCA  9000
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8941  GCTTAGGAGATGCCTCCTCGGCCTCCCCAGGTTCAAGCGATTCTCCGTCTCAGCCTCCCA  9000

Qy   9001  AAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCTAGATTCTGGGAAATCAGTTCACCATGTTCA  9060
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9001  AAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCTAGATTCTGGGAAATCAGTTCACCATGTTCA  9060

Qy   9061  AAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTTGAGACTCTATTGCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCATGAT  9120
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9061  AAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTTGAGACTCTATTGCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCATGAT  9120

Qy   9121  CTCGGCTCACTGCTAACCTCTGCCTCCCAGGTTCAAGCGATTCTCCTGTCTCAGCCTCCCA  9180
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9121  CTCGGCTCACTGCTAACCTCTGCCTCCCAGGTTCAAGCGATTCTCCTGTCTCAGCCTCCCA  9180

Qy   9181  AGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCAGCCACCACGCCCGGCTAATTTTTGTATTTTTAGTAGA  9240
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9181  AGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCAGCCACCACGCCCGGCTAATTTTTGTATTTTTAGTAGA  9240

Qy   9241  GACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCCTGACCTCGTGATCCGCC  9300
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9241  GACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCCTGACCTCGTGATCCGCC  9300

Qy   9301  TGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGTGTGAGCCACCGCCAGCCGTCAAA  9360
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9301  TGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGTGTGAGCCACCGCCAGCCGTCAAA  9360

Qy   9361  AGAGTCTTAATATATCATCCAGATGCCATGTGTTACTTTATGTTACTACATGCCACTTG  9420
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9361  AGAGTCTTAATATATCATCCAGATGCCATGTGTTACTTTATGTTACTACATGCCACTTG  9420

Qy   9421  GCTGCATAAATGTGGTACAAGCATTCTGTCTTGAAGGGCAGGTGCTTCAGGATACCATAT  9480
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9421  GCTGCATAAATGTGGTACAAGCATTCTGTCTTGAAGGGCAGGTGCTTCAGGATACCATAT  9480

Qy   9481  ACAGCTCAGAAGTTCTTCTTTAGGCATTAAAATTTAGCAAAGATATCTCATCTCTTCTT  9540
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9481  ACAGCTCAGAAGTTCTTCTTTAGGCATTAAAATTTAGCAAAGATATCTCATCTCTTCTT  9540

Qy   9541  TTAAACCATTTCTTTTTTGTGGTTAGAAAAGTTATGTGAAAAAGTAAATGTGATTT  9600
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9541  TTAAACCATTTCTTTTTTGTGGTTAGAAAAGTTATGTGAAAAAGTAAATGTGATTT  9600

Qy   9601  ACGCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAATGAATACAATTAAAGCTGTTATTTAATTAGCCAG  9660
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9601  ACGCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAATGAATACAATTAAAGCTGTTATTTAATTAGCCAG  9660

Qy   9661  TGAAAAACTATTAACAACTTGTCTATTACCTGTTAGTATTATTGTTGCATTAAAAATGCA  9720
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9661  TGAAAAACTATTAACAACTTGTCTATTACCTGTTAGTATTATTGTTGCATTAAAAATGCA  9720

Qy   9721  TATACTTTAATAAATGTATATATGTATTGTATGTGTATACTGCATGATGATTTATTGAGTC  9780
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9721  TATACTTTAATAAATGTATATATGTATTGTATGTGTATACTGCATGATGATTTATTGAGTC  9780

Qy   9781  ATCTTGTGTATATACTTAATCGCGCAATTTATTTTGCTTCTAAATT  9840
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9781  ATCTTGTGTATATACTTAATCGCGCAATTTATTTTGCTTCTAAATT  9840

Qy   9841  CTTTACATTTGTCTTACGGAATATTTTCATTCAACTGTGGTAGCCGAATTAATCGTGTT  9900
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9841  CTTTACATTTGTCTTACGGAATATTTTCATTCAACTGTGGTAGCCGAATTAATCGTGTT  9900

Qy   9901  TCTTCACTCTAGGGACAATGTCGTCTAAGTGTGAAGACATTGGTATTTTACCAGCAAAC  9960
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9901  TCTTCACTCTAGGGACAATGTCGTCTAAGTGTGAAGACATTGGTATTTTACCAGCAAAC  9960

Qy   9961  CATTCTGAAAGCATATGACAAAATTATTTCTCTCTAATATTCTTCTTCATAAGGAATATGTTACAATTAATTATT  10020
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9961  CATTCTGAAAGCATATGACAAAATTATTTCTCTCTAATATTCTTCTTCATAAGGAATATGTTACAATTAATTATT  10020

Qy  10021  CTGCTATAAGGCTTCACTTACTCCTCATCAAGGAATATGTTACAATTAATTATT  10080
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10021  CTGCTATAAGGCTTCACTTACTCCTCATCAAGGAATATGTTACAATTAATTATT  10080

Qy  10081  AGGTAAGCATTTGTTTTATATATTGGTTTTATTTCATTCATCTTCACCTGGCTCGAGATTTCAAGAAAACACC  10140
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10081  AGGTAAGCATTTGTTTTATATATTGGTTTTATTTCATTCATCTTCACCTGGCTCGAGATTTCAAGAAAACACC  10140

Qy  10141  CCAGTCTTCACAGTCAACACATTCACTAACATTACTAAACATCAGCAACTGTGGCCT  10200
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10141  CCAGTCTTCACAGTCAACACATTCACTAACATTACTAAACATCAGCAACTGTGGCCT  10200

Qy  10201  GTTAATTTTTTTAATAGAAATTTTAAGTCCTCATTTTCTTTCCGTGTTTTTAAGCTTAA  10260
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10201  GTTAATTTTTTTAATAGAAATTTTAAGTCCTCATTTTCTTTCCGTGTTTTTAAGCTTAA  10260

Qy  10261  TTTTTCTGGCTTATTCATAAATCTTAAGGTCAACTACATTTGAAAAATCAAAGACCTG  10320
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10261  TTTTTCTGGCTTATTCATAAATCTTAAGGTCAACTACATTTGAAAAATCAAAGACCTG  10320

Qy  10321  CATTTAAATTCTTATTCACCTCTGGCAAAACCATTCACAAACCGTAGTAAAGAGAA  10380
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db  10321 CATTTTAAATTCTTATTCACCTCTGGCAAAACCATTCACAAACCATGGTAGTAAAGAGAA 10380

Qy  10381 GGGTGACACCTGGTGGCCATAGGTAAATGTACCACGGTGGTCCGGTGACCAGAGATGCAG 10440
                 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||
Db  10381 GGGTGACACCTGGTGGCCATAGGTAAATGTACCACGGTGGTCCGGTGACCAGAGATGCAG 10440

Qy  10441 CGCTGAGGGTTTTCCTGAAGGTAAAGGAATAAAGAATGGGTGGAGGGGCCTGCACTGGAA 10500
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10441 CGCTGAGGGTTTTCCTGAAGGTAAAGGAATAAAGAATGGGTGGAGGGGCCTGCACTGGAA 10500

Qy  10501 ATCACTTCTGAGAAAAGCCCCTGAAAATTTGAGAAAACAAACAAGAAAACTACTTACCAG 10560
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10501 ATCACTTGTGAGAAAAGCCCCTGAAAATTTGAGAAAACAAACAAGAAAACTACTTACCAG 10560

Qy  10561 CTATTTGAATTGCTGGAATCACAGGCCATTGCTGAGCTGCCTGAACTGGGAACACCAACAG 10620
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||
Db  10561 CTATTTGAATTGCTGGAATCACAGGCCATTGCTGAGCTGCCTGAACTGGGAACACCAACAG 10620

Qy  10621 AAGGAAAACAAACCACTCTGATAATCATTGAGTCAAGTACAGCAGTGATTGAGGACTGC 10680
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10621 AAGGAAAACAAACCACTCTGATAATCATTGAGTCAAGTACAGCAGTGATTGAGGACTGC 10680

Qy  10681 TGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTTATGTGTATTATTAATAATGTCATCTTATAATACTGT 10740
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10681 TGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTTATGTTGTATTATTAATAATGTCATCTTATAATACTGT 10740

Qy  10741 CAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTCACACACATTTAAAAACAAAACACTGTCTC 10800
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10741 CAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTCACACACATTTAAAAACAAAACACTGTCTC 10800

Qy  10801 TAAAATCCCCAAATTTTCATAAAC 10825
           ||||||||||||||||||||||||
Db  10801 TAAAATCCCCAAATTTTCATAAAC 10825
```

Search completed: July 6, 2001, 16:15:23
Job time: 27942 sec